

Table des matières

Introduction générale.....	xi
Chapitre 1: La biométrie	1
I. Introduction.....	2
II. La biométrie.....	3
a. Historique.....	3
b. Définitions.....	4
c. Intérêt.....	4
d. Les systèmes biométriques.....	7
e. Performances d'un système biométrique.....	8
f. Caractéristiques de la biométrie.....	12
g. Types de reconnaissance par biométrie.....	13
1. La reconnaissance comportementale.....	14
2. La reconnaissance physiologique.....	17
h. Comparaison des systèmes biométriques.....	22
III. Conclusion.....	26
Chapitre 2: Les outils morphologiques.....	27
I. Introduction.....	28
II. Morphologie mathématique.....	29
a. Notions élémentaires.....	30
1. Les images.....	30
2. Les trames.....	32
3. La notion de connexité.....	32
4. Morphologies binaire et numérique.....	34
5. Propriétés de base des transformations morphologiques.....	35
6. Les éléments structurants.....	36
b. Transformations morphologiques élémentaires.....	37
1. Erosion et dilatation.....	37
2. Les filtres morphologiques.....	39
3. Transformation chapeau haut de forme.....	43
4. Les squelettes.....	43
5. Segmentation par la ligne de partage des eaux (LPE).....	45
III. Conclusion.....	52
Chapitre 3: Les images rétinienne.....	53
I. Introduction.....	54
II. Etat de l'art.....	54
III. Images rétinienne.....	56
a. Anatomie de la rétine.....	56
b. Acquisition et représentation des images.....	58
1. Capture des images rétinienne.....	58
2. Représentation des images.....	61
IV. Amélioration des images.....	63
a. Algorithmes d'amélioration des images.....	63
b. Augmentation du contraste et correction de l'illumination.....	63
1. Augmentation du contraste par une transformation de teintes de gris.....	64
2. La correction d'illumination non-uniforme.....	67
V. Conclusion.....	72

Chapitre 4: Extraction des caractéristiques.....	73
I. Introduction.....	74
II. Etat de l'art.....	75
III. Schéma de l'algorithme d'identification.....	76
IV. Extraction des caractéristiques.....	77
a. Le réseau vasculaire.....	77
1. Etat de l'art.....	77
2. Algorithme de l'extraction.....	79
b. Les points de bifurcation.....	85
1. Etat de l'art.....	87
2. Algorithme de l'extraction.....	87
c. Les points de référence.....	90
1. Le disque optique (papille).....	90
2. Le centre de la macula.....	97
V. Génération de la signature.....	103
VI. Conclusion.....	104
Chapitre 5: Comparaison et Evaluation.....	105
I. Introduction.....	106
II. Recalage d'images.....	107
a. Définition.....	107
b. Types de recalage.....	108
1. Recalage monomodal intra-patient.....	108
2. Recalage multimodal intra-patient.....	108
3. Recalage monomodal inter-patients.....	108
4. Recalage multimodal inter-patients.....	109
c. Structures homologues.....	109
d. Le modèle de transformation.....	110
1. Les transformations linéaires.....	110
2. Les transformations non-linéaires.....	113
e. Algorithmes de recalage.....	114
1. Algorithmes de recalage manuel.....	114
2. Algorithmes de recalage semi-automatique.....	114
3. Algorithmes de recalage automatique.....	115
III. Comparaison des signatures biométriques (Matching).....	117
1. Principe.....	117
2. Algorithme de matching.....	117
IV. Evaluation du système biométrique.....	119
a. Expérimentation.....	121
b. Résultats et interprétations.....	121
V. Evaluation de l'approche de classification.....	125
VI. Conclusion.....	127
Conclusion et perspectives.....	129
Annexe A.....	131
Annexe B.....	149
Annexe C.....	153
Bibliographie.....	161

Liste des figures

Chapitre 1 :

Figure II.1 - Exemples des traits biométriques utilisés pour l'identification [1].	5
Figure II.2 - Principe de fonctionnement des systèmes biométriques [1].	9
Figure II.3 - Courbes représentatives des taux de similitude FAR, FRR.	10
Figure II.4 - Différentes modalités biométriques.	13
Figure II.5 - Catégories des méthodes d'identification biométriques [2].	14
Figure II.6 - Distribution de l'utilisation des systèmes biométriques sur le marché mondial.	23
Figure II.7 - Comparaison des techniques biométriques selon les critères : Effort, Intrusion, Coût .	23

Chapitre 2:

Figure II.1 - La section d'une fonction [30].	31
Figure II.2 - Une fonction numérique comme empilement d'ensembles [30].	31
Figure II.3 - Les trames fréquemment utilisées [30].	32
Figure II.4 - Trames carrée et hexagonale [64].	34
Figure II.5 - Notion du chemin et de la fonction distance [30].	34
Figure II.6 - Sous-graphe d'une image numérique [64].	35
Figure II.7 - Des éléments structurants de base (Les centres sont marqués en noir) [30].	37
Figure II.8 - La dilatation et l'érosion de l'image binaire [30].	37
Figure II.9 - La dilatation et l'érosion d'une fonction [30].	38
Figure II.10 - Gradient morphologique (symétrique) : dilaté- érodé [64].	39
Figure II.11 - Ouverture et fermeture d'une image binaire [30].	40
Figure II.12 - Ouverture et fermeture d'une fonction [30].	41
Figure II.13 - Les dilatations/érosions géodésiques et les reconstructions respectives [30].	42
Figure II.14 - La transformation chapeau haut de forme [30].	43
Figure II.15 - Exemples de squelettisation par boules maximales [29].	44
Figure II.16 - Le concept de la représentation topologique [65].	46
Figure II.17 - La partition d'une image en NG obtenue par LPE [30].	46
Figure II.18 - Bassins, minima, LPE [29].	47
Figure II.19 - Principe d'inondation du relief [65].	47
Figure II.20 - Inondation et barrages [65].	48
Figure II.21 - Exemples de la sur-segmentation par la LPE.	49
Figure II.22 - Contrôle de la LPE par image marqueur [30].	50
Figure II.23 - Exemple d'utilisation du gradient morphologique comme marqueur pour la LPE [65].	50
Figure II.24 - Exemple d'utilisation de la fonction distance comme marqueur pour la LPE [65].	51
Figure II.25 - Exemple d'utilisation de marqueurs interne et externe pour la LPE [65].	51

Chapitre 3:

Figure II.1 - Illustration de la bande scannée dans le système de Robert Hill [9].	55
Figure IV.1 - Illustration du fond d'œil [103].	56
Figure IV.2 - Exemple d'images rétiniennes droite et gauche d'un même individu [100].	57
Figure IV.3 - Deux exemples d'appareil d'acquisition d'images rétiniennes (rétinographie).	58
Figure IV.4 - Exemples de lecteurs de rétine disponibles sur le marché (en 2011) [103].	59
Figure IV.5 - Echantillon de la base d'images ARIA [100].	60

Figure IV.6 - La transformation d'une image couleur en une image en niveau de gris.	61
Figure IV.7 - Représentation de l'image couleur dans l'espace RVB	62
Figure V.1 - La modification de teinte de gris [30].	65
Figure V.2 - Les modifications du graphe en fonction de μ_t [30].	66
Figure V.3 - L'augmentation globale de contraste [30].....	66
Figure V.4 - L'augmentation locale de contraste [30].	68
Figure V.5 - Le problème de bords lors de la correction de l'illumination non uniforme.	69
Figure V.6 - Le problème de bord de la correction de l'illumination non-uniforme dans [30].	70
Figure V.7 - L'effet de filtrage de l'image d'approximation du fond.	70
Figure V.8 - La correction de l'éclairage non uniforme.	71

Chapitre 4:

Figure III.1 - Schéma général de l'algorithme d'identification par la rétine (Images de [100]).	76
Figure IV.1 - Organigramme de l'extraction du squelette de l'arbre vasculaire rétinien.	79
Figure IV.2 - Deux problèmes dans la détection des vaisseaux [30].	80
Figure IV.3 - Le pré-filtrage par une petite gaussienne.	81
Figure IV.4 - Des vaisseaux et un marqueur "idéal" (les cercles gris) [30].	82
Figure IV.5 - Transformation par chapeau haut de forme et approximation du réseau vasculaire.	83
Figure IV.6 - L'image de distance et l'image marqueur.	83
Figure IV.7 - La ligne de partage des eaux et intersection avec l'approximation.	84
Figure IV.8 - Résultat final de l'algorithme d'extraction du squelette vasculaire.	85
Figure IV.9 - Exemples du résultat de l'algorithme sur des échantillons de la base [100].	86
Figure IV.10 - Exemples des points de bifurcation et de croisement [100].	87
Figure IV.11 - Exemples des formes de points caractéristiques.	88
Figure IV.12 - Exemples d'extraction des points de bifurcation et de croisement.	89
Figure IV.13 - Exemples de papilles [100].	90
Figure IV.14 - La reconstruction de l'image à partir des vaisseaux [30].	93
Figure IV.15 - La décomposition en RVB de la région papillaire dans une image couleur.	94
Figure IV.16 - Les étapes de l'algorithme de détection de contours de la papille.	95
Figure IV.17 - Les différences de contraste de la macula dans les images rétinienne [100].	98
Figure IV.18 - Le cercle contenant la macula et son intersection avec le réseau vasculaire.	100
Figure IV.19 - Un marqueur pour la macula.	100
Figure IV.20 - L'extraction de détails sombres dans l'image filtrée.	101
Figure IV.21 - La reconstruction du chapeau haut de forme à partir du marqueur et le résultat.	102
Figure V.1 - Exemple d'une signature biométrique.	103

Chapitre 5:

Figure II.1 - La transformation rigide (isométrie) [114].	111
Figure II.2 - La transformation de similitude [114].	111
Figure II.3 - La transformation affine [114].	112
Figure II.4 - La transformation projective [114].	112
Figure II.5 - Les transformations libres [114].	113
Figure II.6 - Exemples d'application de notre algorithme de recalage sur des images de [100].	117
Figure IV.1 - Les courbes traditionnelles d'évaluation de performance des systèmes [112].	120
Figure IV.2 - La courbe FAR Vs FRR et les taux EER.	120
Figure IV.3 - Courbes obtenues par l'algorithme d'évaluation.	123

Liste des tableaux

Chapitre 1:

Tableau II.1- Inconvénients des systèmes d'authentification classiques.	7
Tableau II.2 - Mesures des FAR, FRR et EER sur quelques exemples techniques biométriques.	11
Tableau II.3 - Les caractéristiques des différentes techniques biométriques.	25
Tableau II.4 - Comparaison entre quelques méthodes d'identification biométriques.	25

Chapitre 5:

Tableau II.1 - Classement des applications selon leur type de recalage.	109
Tableau V.1 - Tableau des paramètres de la validité intrinsèque d'un système [113].	125
Tableau V.2 - Tableau des résultats du test de performance.	126

Introduction Générale

L'identification fiable des personnes est un service en pleine croissance. Il est très demandé dans beaucoup de domaines, pas seulement dans les environnements militaires ou de police, mais aussi dans beaucoup d'applications civiles, à titre d'exemple le contrôle d'accès aux systèmes de transactions financières (banques, trésorerie,...etc.). Les systèmes traditionnels de sécurité sont basés sur une connaissance (mot de passe, code pin...) ou sur une possession (badge, carte magnétique, clé...), mais ces systèmes sont moins fiables pour beaucoup d'environnements, à cause de leur inhabilité commune à différencier entre un individu réellement autorisé et un fraudeur (individu ayant acquis ses privilèges d'accès frauduleusement).

La solution à ces problèmes a été trouvée dans les technologies d'authentification basées sur la biométrie. Un système biométrique est un système de reconnaissance de patterns qui établit une authenticité d'un caractère physiologique ou comportemental spécifique. L'identification peut être sous la forme d'une vérification d'identité (vérification de l'authenticité d'une identité prétendue) ou sous la forme de reconnaissance (trouver la correspondance entre une identité et une autre parmi un ensemble de personnes connues).

Beaucoup de technologies d'authentification peuvent être trouvées dans la littérature [1-8]. De nos jours, la plupart des efforts, dans les systèmes d'authentification, ont tendance à être investis dans le développement des environnements hautement sécurisés, où il est plus difficile, ou idéalement impossible, de reproduire frauduleusement une copie des propriétés utilisées par le système pour distinguer entre les individus autorisés et non autorisés.

Dans cette perspective, un de ces systèmes a été choisi d'être étudié dans ce mémoire, c'est le système de reconnaissance par images rétiniennes, ou plus exactement, un système qui utilise la structure du réseau vasculaire du fond de l'œil comme caractéristique biométrique d'identification des individus. Il est, presque, impossible de falsifier cette caractéristique par les imposteurs. Ajouté à cela, la configuration macroscopique de la vascularisation rétinienne d'une personne demeure stable durant toute sa vie, et son modèle de branchement est unique pour chaque individu [10], [11]. Quelques conditions cliniques peuvent produire des changements de vascularisation, tels que la rétinopathie proliférative caractérisée par la néo-vascularisation [12], [13] (parmi d'autres symptômes), ou la rétinopathie de la prématurité [14], un désordre bilatéral caractérisé

par la néo-vascularisation, principalement, des régions temporelles de la rétine. De nombreuses techniques existent pour gérer ces cas pathologiques, mais ne feront pas objet de notre étude dans ce mémoire.

Cependant, ces changements sont limités à la micro-vascularisation rétinienne, et c'est seulement aux phases terminales que les grands vaisseaux rétiens peuvent être touchés. D'ailleurs, en raison de sa localisation interne, la rétine est protégée contre des variations provoquées par une exposition à l'environnement externe (Contrairement aux empreintes digitales qui peuvent être altérées lors d'une brûlure ou d'une entaille par exemple).

En plus de toutes ces qualités citées, la méthode de recalage dans ce système est très robuste et se comporte assez bien même en disparition de certains vaisseaux rétiens en raison du mouvement oculaire. Tout cela fait de cette méthode d'authentification un bon candidat pour des environnements de haute sécurité.

Dans ce travail, nous allons nous focaliser sur une réalisation d'un système complet d'identification par la rétine, utilisant le réseau vasculaire comme trait biométrique. Le but est de développer une extraction robuste du modèle (template) biométrique, et une méthodologie de comparaison de ces modèles, capable de pallier aux scénarii hétérogènes. En outre, le modèle ou le pattern biométrique doit être aussi compact que possible pour assurer une rapidité de calcul, et surtout, la facilité de stockage dans les dispositifs mobiles (tels que les puces électroniques, chips...).

Le pattern biométrique, dans ce mémoire, est présenté comme un ensemble de points anatomiques extraits du réseau vasculaire (les points de bifurcation et de croisement des branches du réseau) en utilisant des opérateurs de la morphologie mathématique. Un recalage automatique puis une comparaison de ces patterns permettront de décider de leur correspondance ou non. Les résultats expérimentaux ont montré que cette méthode peut assurer une parfaite séparation entre une identification légitime et une imposture.

Ce document est organisé comme suit : premièrement une introduction générale aux concepts biométriques est présentée dans le chapitre 1. Le second chapitre présentera les outils morphologiques utilisés pour l'amélioration des images rétiennes et l'extraction de leurs caractéristiques. Le chapitre 3 décrira l'étape d'acquisition et d'amélioration des images rétiennes. Les algorithmes d'extraction des caractéristiques de la rétine sont évoqués dans le chapitre 4. Et finalement, l'étape de recalage et de comparaison des patterns est élucidée dans le dernier chapitre, qui conclura avec une évaluation du système biométrique et une discussion des résultats expérimentaux.

Chapitre 1

La biométrie

Sommaire

I. Introduction.....	2
II. La biométrie.	3
a. Historique.....	3
b. Définitions.	4
c. Intérêt.....	4
d. Les systèmes biométriques.	7
e. Performances d'un système biométrique.	8
f. Caractéristiques de la biométrie.....	12
g. Types de reconnaissance par biométrie.	13
1. La reconnaissance comportementale.	14
2. La reconnaissance physiologique.	17
h. Comparaison des systèmes biométriques.	22
III. Conclusion.	26

Résumé

Ce chapitre propose une introduction générale à la biométrie. Il introduit la notion d'identité et les questions inhérentes à la reconnaissance d'un individu. Il présente ensuite les problématiques et contraintes liées à l'utilisation des systèmes automatiques de biométrie. Différentes modalités peuvent être utilisées afin de reconnaître un individu et sont présentées dans ce chapitre. La technique qui nous intéresse le long de ce mémoire est la biométrie par images rétinienne. Une description brève et générale de cette technique est donnée. Finalement, et pour clore ce chapitre introductif, une analyse comparative des techniques biométriques est discutée.

I. Introduction.

De nos jours, l'authentification automatique des individus devient une approche primordiale dans le domaine de la sécurité et de contrôle d'accès au sein des infrastructures et des systèmes informatiques.

D'une part, la croissance internationale des communications, telle que Internet, tant en volume qu'en diversité (déplacement physique, transaction financière, accès aux services...), implique le besoin de s'assurer de l'identité des individus.

D'autre part, l'importance des enjeux motive les fraudeurs à mettre en échec les systèmes de sécurité existants.

Il y a donc un intérêt grandissant pour les systèmes électroniques d'identification et d'authentification. Leur dénominateur commun est le besoin d'un moyen simple, pratique, fiable et peu onéreux, pour vérifier l'identité d'une personne, sans l'assistance d'une autre personne.

Nous pouvons distinguer deux rôles essentiels de reconnaissance d'individus :

- L'identification d'une personne pour établir son identité.
- L'authentification qui vérifie la validité de l'identité d'un individu.

Le marché du contrôle d'accès s'est ouvert avec la prolifération des systèmes dont aucun ne se révèle efficace contre la fraude, car tous utilisent un identifiant externe tel que : badge, carte, clé, code, mot de passe... Ces identifiants présentent un gros problème dans la garantie de la sécurité car ils sont exposés à plusieurs risques tels que : la duplication, le vol, l'oubli, la perte... etc.

Au contraire, la biométrie est l'un des moyens les plus fiables et les plus utilisés dans la reconnaissance et authentification des individus. C'est une science basée sur les attributs biologiques, physiques ou comportementaux des personnes, tels que l'ADN, l'urine, la forme du visage, la forme des mains, les empreintes digitales, la voix, la démarche...etc.

Les techniques biométriques basées sur les attributs biologiques (ADN, salive, urine, odeur,...) sont des techniques très coûteuses et difficiles à mettre en œuvre pour un usage courant. Pour cela, nous nous limiterons, dans ce chapitre, à la présentation des deux autres classes de méthodes biométriques (physiologiques et comportementales).

Par sa robustesse, sa fiabilité et sa possibilité d'intégration dans un grand nombre de systèmes de sécurité et de contrôle d'accès, la biométrie a pu acquérir une place importante parmi les techniques de haute sécurité. Ce qui explique l'intérêt permanent des chercheurs pour cette technologie.

L'un des points forts des systèmes biométriques se traduit par le faible taux d'erreur commis dans l'identification, puisque les attributs des individus se distinguent d'une personne à une autre (même pour des jumeaux). Un autre avantage de ces systèmes est la possibilité de numériser les informations et les signatures biométriques, acquises à l'aide de capteurs sensoriels ou visiophoniques appropriés, pour des opérations de traitement, de stockage dans des bases de données qui, à leur tour, serviront pour la prise de décision dans un contexte d'authentification.

Dans ce chapitre, nous définirons des généralités sur la biométrie dans l'état de l'art, nous présenterons quelques exemples des techniques de reconnaissance par biométrie et leurs domaines d'application et établirons un tableau général (plus ou moins comparatif) des techniques les plus utilisées sur terrain.

Dans la partie finale de ce chapitre, nous nous intéresserons essentiellement à la technique, qui est sujet de notre mémoire, portant sur la reconnaissance des individus par la rétine (fond de l'œil).

II. La biométrie.

a. Historique.

Depuis son existence, l'homme a toujours essayé de trouver les différences existantes entre lui-même et son entourage et les exploiter dans ses besoins quotidiens.

Les chinois ont été les premiers à utiliser, il y a 1000 ans, les empreintes digitales à des fins de signature de documents. Après, c'était le tour de l'anatomiste MARCELLO MALPIGHI (1628–1694) qui les a étudiées avec un nouvel instrument nommé microscope. Puis le physiologiste tchèque JAN EVANGELISTA PURKINGE (1787–1869) a essayé de les catégoriser selon certaines caractéristiques [8].

Vers la fin du XIX^e siècle, le DR HENRY FAULDS (1843–1930), chirurgien à Tokyo, a marqué le premier pas vers l'élaboration d'un système d'identification d'individus en se basant sur des méthodes statistiques pour la classification des empreintes.

En ce moment, un de ses contemporains, le français ALPHONSE BERTILLON (1853-1914), était en train de tester une méthode d'identification des prisonniers nommée anthropométrie judiciaire. BERTILLON procédait à la prise de photographies de sujets humains, mesurait certaines parties de leurs corps (tête, membres, etc.) et on notait les dimensions sur les photos et sur des fiches à des fins d'identification ultérieure. C'était la naissance de la première base de données contenant des informations des individus [8]. Et depuis, ces systèmes de reconnaissance ne cessent de se développer et de devenir plus performants.

b. Définitions.

Le terme de **biométrie** est originaire d'une contraction des deux anciens termes grecs : « *bios* » qui signifie : la vie et « *metron* » qui se traduit par : mesure. [2]

La biométrie est apparue pour combler les manques des systèmes d'accès classiques, et dans la littérature il existe plusieurs définitions de la biométrie telles que :

« La reconnaissance automatique d'une personne à partir de son comportement ou d'une caractéristique physique ». Source : ISO¹

« La biométrie recouvre l'ensemble des procédés tendant à identifier un individu à partir de la mesure de l'une ou de plusieurs de ses caractéristiques physiques, physiologiques ou comportementales ». Source : CNIL²

La biométrie est la science d'établir l'identité d'une personne basée sur les attributs physiques (empreintes digitales, visage, géométrie de la main, iris, rétine...) ou comportementaux (démarche, signature, dynamique de clavier...) liés à un individu.

Un système biométrique typique utilise les sondes convenablement conçues pour capturer le trait biométrique d'une personne et le compare à l'information stockée dans une base de données pour établir l'identité. [4]

Les techniques biométriques permettent donc la mesure et la reconnaissance de **ce que l'on est**, à la différence d'autres techniques de mêmes finalités, mais permettant de mesurer ou vérifier **ce que l'on possède** (carte, badge, document, ...) ou **ce que l'on sait** (mot de passe, code pin, ...).

Un système biométrique peut fonctionner en deux modes distincts : en mode de vérification, le système confirme ou nie une identité réclamée, alors qu'en mode d'identification, il détermine l'identité d'un individu.

La biométrie offre une solution naturelle est fiable pour certains aspects de la gestion d'identité en utilisant des systèmes entièrement automatisés ou semi-automatisés de reconnaissance des individus. [13]

c. Intérêt.

La biométrie se rapporte à la classe entière des technologies et techniques pour identifier uniquement des humains. La biométrie est un domaine émergent où la technologie améliore notre capacité à identifier une personne. La protection des consommateurs contre la fraude ou le vol est un des buts de la biométrie. L'avantage de l'identification biométrique est que chaque individu a ses propres caractéristiques physiques qui ne peuvent être changées,

¹ International Organization for Standardization : <http://www.iso.org/>

² Commission nationale de l'informatique et des libertés : <http://www.cnil.fr/>

perdues ou volées. La méthode d'identification biométrique peut aussi être utilisée en complément ou remplacement de mots de passe.

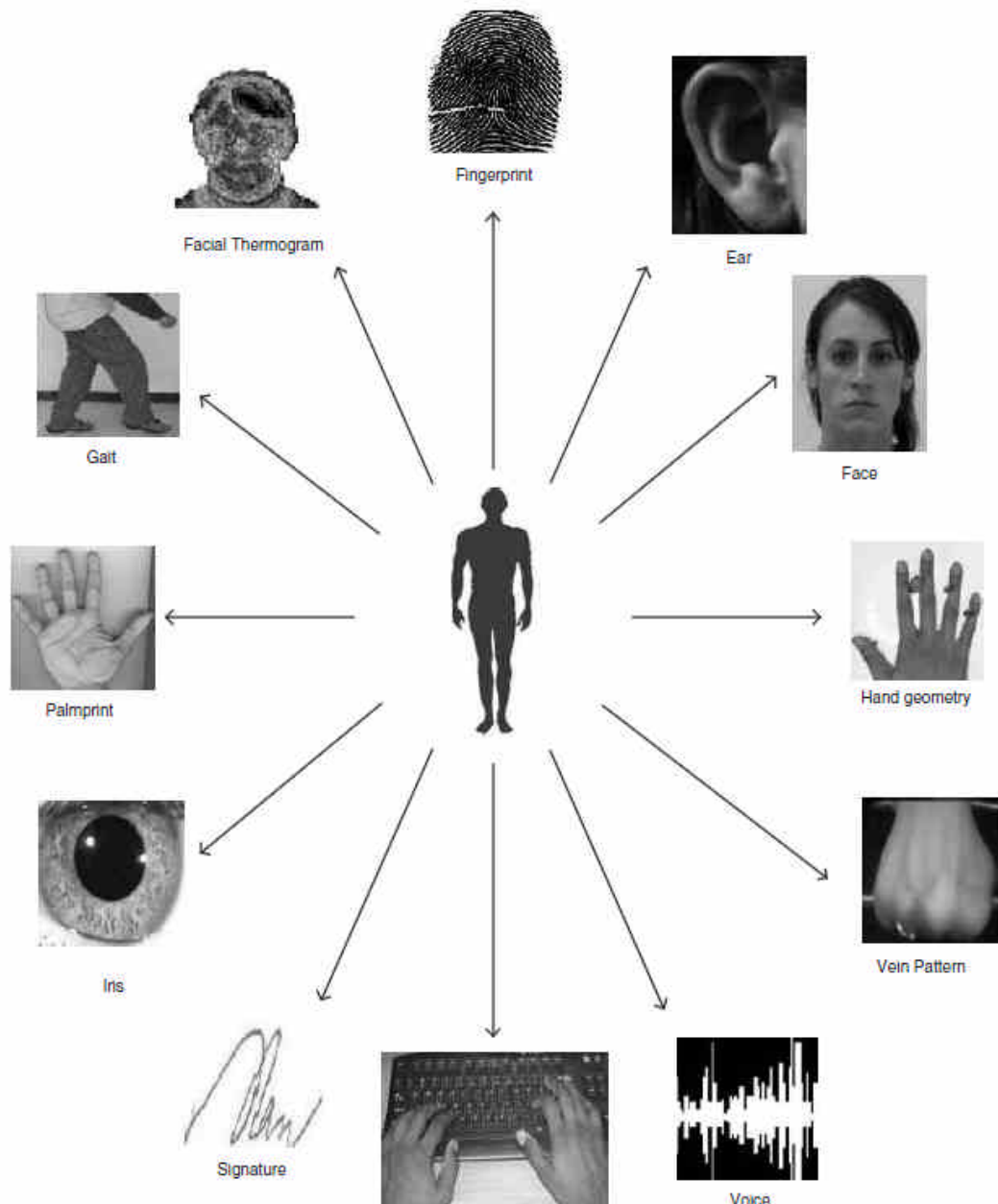


Figure II.1 - Exemples des traits biométriques utilisés pour l'identification [1].

Bien que la technologie biométrique ait de diverses utilisations, son but primaire est de fournir une alternative plus sécurisée aux systèmes traditionnels de contrôle d'accès employés pour protéger les capitaux personnels ou de corporation. Parmi les nombreux problèmes résolus grâce à l'usage des techniques biométriques, les faiblesses qui ont été décelées dans les systèmes actuels de contrôle d'accès sont les suivantes :

- ✓ **Mots de passe faibles** : Les utilisateurs d'ordinateur sont notoirement susceptibles d'employer des pauvres mots de passe facilement devinés, ayant pour résultat des cambriolages où les intrus peuvent deviner les qualifications d'un autre utilisateur et gagner l'accès non autorisé à un système informatique. Ceci peut mener à une violation de la sécurité du personnel ou à un vol de secrets d'affaires par un étranger.
- ✓ **Qualifications partagées** : Dans de petits et grands organismes, nous entendons parler souvent des cas comme ceci : Un utilisateur d'ordinateur partage son mot de passe avec un collègue qui a besoin de l'accès - quoique, dans la plupart des organismes (et dans beaucoup de lois et de règlements liés à la sécurité), ceci est interdit par la politique. Les personnes de nature sont disposées à aider un collègue dans le besoin même si cela signifie violer la politique pour réaliser un plus grand but.
- ✓ **Cartes d'accès principales perdues** : Beaucoup de fois dans nos carrières nous avons trouvé des cartes principales perdues dans des parkings et d'autres endroits publics. Souvent ils ont le nom de l'organisation sur eux, ainsi c'est comme si on trouvait une clef avec une adresse là-dessus, permettant à la personne qui l'a trouvée une libre incursion dans une certaine société.

La biométrie peut résoudre tous ces problèmes en exigeant des crédibilités additionnelles - quelque chose liée au propre corps de la personne - avant d'accorder l'accès à un bâtiment, à une salle des ordinateurs, ou à un système informatique. Un système de contrôle d'accès qui utilise la biométrie inclura un appareil électronique qui mesure un certain aspect spécifique du corps ou du comportement d'une personne qui l'identifie positivement. Le dispositif pourrait être un lecteur d'empreinte digitale, un appareil photo numérique pour atteindre un bon regard dans un iris, ou un lecteur de signature. (Nous discutons tous les types communs de biométrie dans une prochaine section.)

En résumé, plusieurs raisons peuvent motiver l'usage de la biométrie:

- ❖ **Une haute sécurité** : en l'associant à d'autres technologies comme le cryptage, le single sign-on...
- ❖ **Confort** : en remplaçant juste le mot de passe, exemple pour l'ouverture d'un système d'exploitation, la biométrie permet de respecter les règles de base de la sécurité (ne pas inscrire son mot de passe à côté du PC, ne pas désactiver l'écran de veille pour éviter des saisies de mots de passe fréquentes). Et quand ces règles sont respectées, la biométrie évite aux administrateurs de réseaux d'avoir à répondre aux nombreux appels pour perte de mot de passe (que l'on donne parfois au téléphone, donc sans sécurité).

- ❖ **Sécurité / Psychologie** : dans certains cas, particulièrement pour le commerce électronique, l'utilisateur n'a pas confiance. Il est important pour les acteurs de ce marché de convaincre le consommateur de faire des transactions. Un moyen d'authentification connu comme les empreintes digitales pourrait faire changer le comportement des consommateurs.

Les systèmes d'authentification biométriques mettent fin aux problèmes liés à l'utilisation des systèmes d'authentification classiques tels que :

- La duplication.
- Le vol.
- L'oubli.
- La perte.

L'usage de la technologie biométrique pour la protection des capitaux remonte à longtemps dans quelques domaines bien précis. Les forces militaires, l'intelligence, et les organismes de police avaient employé la biométrie pour élever le niveau de sécurité des contrôles d'accès physiques et logiques pendant des décennies.

	Copie	Vol	Oubli	Perte
Clé	•	•	•	•
Badge	-	•	•	•
Code	•	-	•	-
Empreinte	-	-	-	-

Tableau II.1- Inconvénients des systèmes d'authentification classiques.

Mais dans ces dernières années, il y a eu une importante hausse dans l'utilisation de la biométrie pour la protection des capitaux de haute valeur. Les centres de traitement des données emploient souvent la biométrie pour contrôler l'accès du personnel dans l'espace du centre de données. Les dispositifs de reconnaissance des empreintes digitales apparaissent partout - même incorporés aux ordinateurs portables, au PDAs, et aux commandes d'USB. L'identification faciale est disponible sur quelques modèles d'ordinateur portable. Et pour la sécurité des entreprises et des résidences, des portes à verrouillage par empreintes digitales sont disponibles sur le marché...

d. Les systèmes biométriques.

Un système biométrique est essentiellement un système qui acquiert des données biométriques d'un individu, extrait un ensemble de caractéristiques à partir de ces données, puis le compare à un ensemble de données stocké au préalable dans une base de données pour pouvoir enfin exécuter une action ou prendre une décision à partir du résultat de cette comparaison. [1]

Par conséquent, un système biométrique est composé de quatre modules principaux : [1]

- ✓ **Le module d'acquisition** : un lecteur, un scanner ou autre module de balayage approprié est requis pour l'acquisition des données biométriques brutes d'un individu. Pour obtenir les images des empreintes digitales, par exemple, un capteur optique peut être utilisé pour acquérir l'image de la structure des arêtes sur le bout des doigts. Il joue le rôle de l'interface homme-machine et représente un pivot élémentaire du système biométrique. Une interface mal conçue peut influencer sur la fiabilité de tout le système.
- ✓ **Le module d'évaluation de qualité et d'extraction de caractéristiques** : La qualité des données biométriques obtenues lors de la capture doit être évaluée par ce module afin de déterminer sa convenance pour le processus de reconnaissance. Généralement, les données acquises doivent être soumises à des algorithmes de perfectionnement afin d'améliorer la qualité du signal. Ce module exige, parfois, la recapture des données avant de les traiter s'il s'avère que la qualité des données déjà capturées est inacceptable. Les données biométriques sont alors traitées d'une manière à extraire les traits fondamentaux et les caractéristiques qui permettront d'obtenir la signature biométrique de l'individu. Par exemple, la position et l'orientation des points de minuties pour les empreintes digitales, la position et l'orientation des points de bifurcations pour la reconnaissance rétinienne...etc.
- ✓ **Le module de comparaison (*matching*) et de prise de décision** : ce module comprend le processus de comparaison entre l'ensemble des caractéristiques extrait et les autres ensembles ou modèles existants dans la base de données. Le résultat de cette comparaison va être utilisé pour prendre une décision sur le taux de correspondance de la signature biométrique pour la validation ou le rejet de l'identité de l'individu à reconnaître.
- ✓ **Le module de base de données** : il sert de dépôt des signatures biométriques obtenues lors de la phase d'enrôlement. Cette phase permet d'inscrire dans la base de données les informations biométrique et biographique (nom et prénom, n° d'identification, adresse...) des utilisateurs. Dans un sens figuré, ce module joue le rôle d'un annuaire des signatures biométriques.

e. Performances d'un système biométrique.

Le principe de fonctionnement des systèmes biométriques, tels que décrit dans la littérature [5], [1] (et comme montré dans la Figure II.2), comporte (03) trois modes principaux :

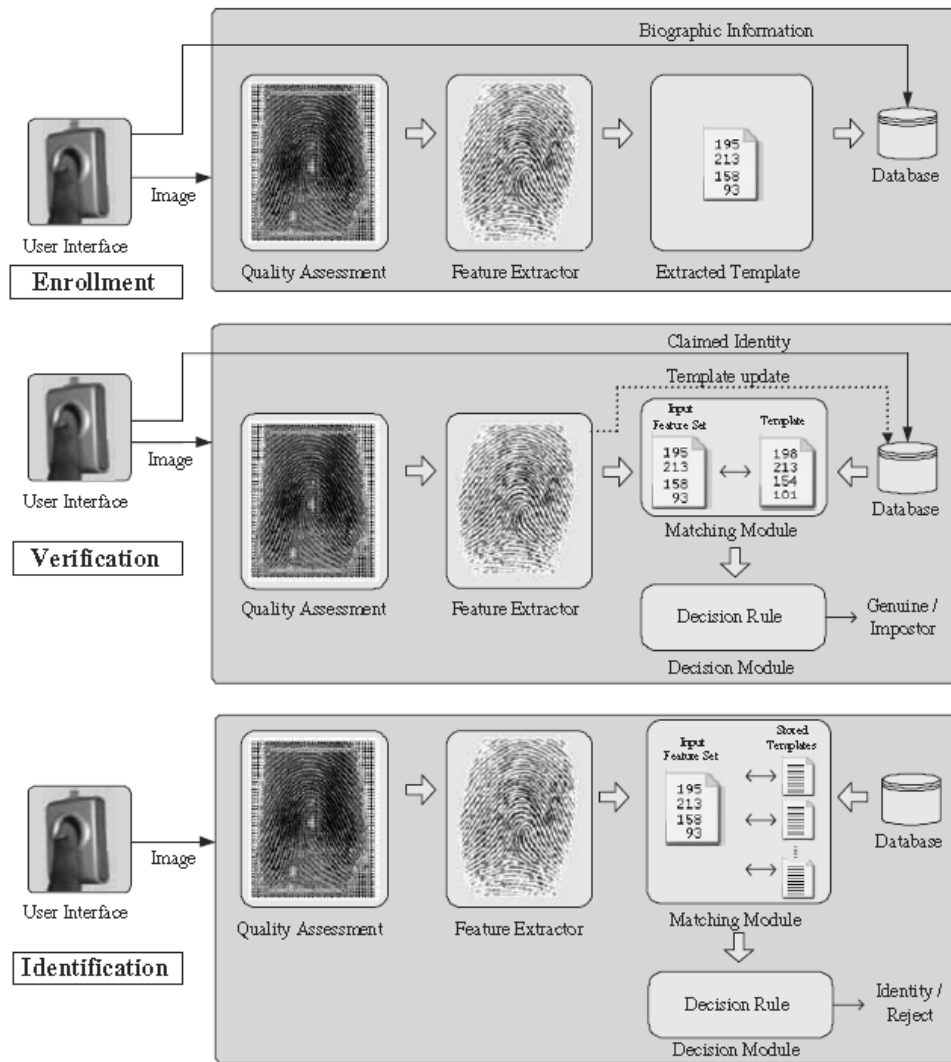


Figure II.2 - Principe de fonctionnement des systèmes biométriques [1].

- ❖ **Enrôlement** : c'est l'étape d'enregistrement des signatures biométriques de chaque utilisateur dans la base de données. Chaque utilisateur présente un ou plusieurs échantillons d'une caractéristique biométrique qui vont être traités et stockés dans la base sous un identifiant, accompagnés parfois de références biographiques (nom, prénom, adresse...), correspondant à cet utilisateur. Ces données serviront plus tard dans la phase d'identification.
- ❖ **Authentification** : ou vérification qui permet de vérifier l'authenticité d'un individu. Ce dernier fournit un échantillon biométrique ainsi qu'un identifiant et le système s'assure que le pattern enregistré dans la base sous cet identifiant correspond bien à la signature biométrique fournie par l'utilisateur. Le module de décision produit une réponse oui/non selon l'authentification/rejet de l'identité. Dans cette phase, les systèmes biométriques effectuent une mise à jour des patterns pour les types de traits biométriques qui changent légèrement à travers le temps (Reconnaissance faciale).

- ❖ **Identification** : c'est l'étape de reconnaissance des individus. L'échantillon présenté pour l'identification est soumis, après traitement, à des algorithmes de comparaison avec les différents patrons stockés dans la base de données, afin de permettre au module de décision d'établir l'identité de l'individu en question.

Dans les systèmes d'identification classiques, tels que l'identification par mot de passe, la correspondance doit être parfaite et absolue (100% de similitude) entre l'identifiant présenté pour la reconnaissance et celui enregistré dans la base de données (ex.: Dans le cas d'identification par mot de passe, la chaîne de caractère saisie par l'utilisateur du système doit correspondre exactement à la chaîne qui identifie cette personne et lui attribue les droits d'accès appropriés).

En revanche, dans les systèmes biométriques, la correspondance n'est pas absolue. Ceci est dû à :

- ❖ des conditions imparfaites lors de l'acquisition des échantillons biométriques (ex.: empreinte digitale bruitée à cause d'un dysfonctionnement du lecteur),
- ❖ des variations de la caractéristique biométrique de l'utilisateur (ex.: des problèmes respiratoires peuvent affecter l'échantillon vocal de l'utilisateur),
- ❖ des changements des conditions ambiantes (ex.: Mauvaise illumination influe sur la reconnaissance du visage),
- ❖ la différence dans l'interaction de l'utilisateur avec les dispositifs d'acquisition (ex.: iris occlus, empreinte partielle),

Cependant, il est très rare d'obtenir un ensemble de caractéristiques exactement similaires lors de deux acquisitions d'échantillons biométriques d'un individu. En effet, une correspondance parfaite de deux échantillons déclenche une mise en garde du système contre une tentative de fraude par reproduction.

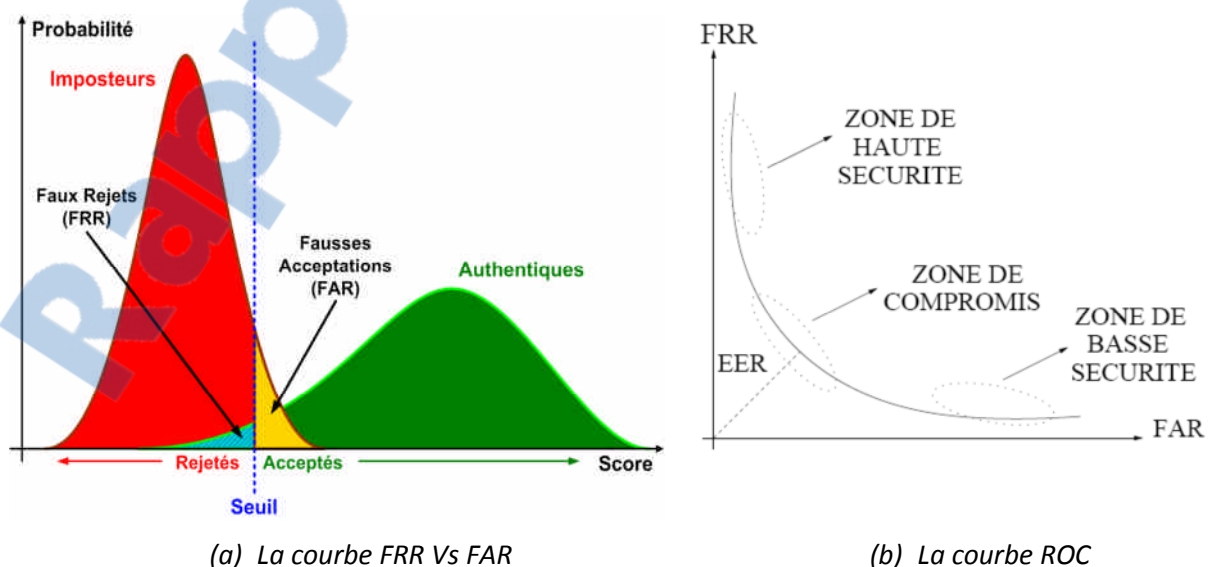


Figure 11.3 - Courbes représentatives des taux de similitude FAR, FRR.

Le degré de similitude entre deux ensembles de caractéristiques est appelé : le taux de similarité (*Similarity Score*). Le taux de similarité d'une comparaison entre deux échantillons d'un trait biométrique du même individu est appelé : taux d'authenticité (*Genuine Score* ou *Authentic Score*). Le taux de similarité entre deux échantillons de deux individus différents est appelé : taux d'imposture (*Impostor Score*).

Comme montré sur la Figure II.3 (a), il est question d'un compromis, défini par un seuil, entre le taux de fausses acceptations et le taux des faux rejets. C'est-à-dire qu'un taux d'authenticité en dessous du seuil génère un faux rejet, tandis qu'un taux d'imposture qui dépasse le seuil résulte une fausse acceptation.

La performance d'un système biométrique est quantifiée par le taux de deux erreurs fondamentales définies dans [4], [1] par :

- **F.A.R.** : (*False Acceptation Rate*) ou **F.M.R.** (*False Match Rate*) dans certains ouvrages, ces taux déterminent la probabilité pour un système de « reconnaître » une personne qui normalement n'aurait pas dû être reconnue. C'est un ratio entre le nombre de personnes qui ont été acceptées alors qu'elles n'auraient pas dû l'être et le nombre total de personnes non autorisées qui ont tenté de se faire accepter.
- **F.R.R.** : (*False Reject Rate*) ou **F.N.M.R.** (*False Non Match Rate*), ces taux déterminent la probabilité pour un système donné de ne pas « reconnaître » une personne qui normalement aurait dû être reconnue. C'est un ratio entre le nombre de personnes légitimes dont l'accès a été refusé et le nombre total de personnes légitimes s'étant présentées.

<i>Techniques testées</i>	<i>FAR</i>	<i>FRR</i>	<i>EER</i>
Iris	0,0001 %	0,25 %	~ 0,5 %
Empreintes digitales (2)*	0,008 %	2,5 %	~1 %
Voix	0,03 %	2 %	~ 0
Empreintes digitales (1)*	0,08 %	6 %	~1 %
Géométrie de la main	0,70 %	0,5 %	~0
Empreintes digitales (optique)	0,45 %	11 %	~2 %
Face	0,45 %	17 %	~ 0

* Algorithmes différents

Tableau II.2 - Mesures des FAR, FRR et EER sur quelques exemples techniques biométriques.

Cela nous ramène à dire que la variation du seuil implique la variation inversement proportionnelle des deux taux F.A.R. et F.R.R. cités précédemment. La courbe ROC¹ (*Receiver*

¹ En réalité, la courbe ROC représente le GAR Vs FAR, mais par abus de langage on fait allusion à la courbe DET (*Detection Error Trade-off*) qui représente le FRR en fonction du FAR.

Operating Characteristic), donnée par la Figure II.3 (b), est une représentation graphique du compromis des deux taux. Dans un système biométrique, la minimisation simultanée des deux taux n'est pas possible, or le choix de minimisation d'un taux dépend de la qualité du système souhaitée. Pour un système de haute sécurité, par exemple, on s'intéresse à minimiser le F.A.R., tandis que si la commodité est la préoccupation première, on minimise le F.R.R.

Outre le F.A.R. et le F.R.R., il existe d'autres types d'erreurs dans les systèmes biométriques. Le E.E.R. (*Equal Error Rate*) est le taux qui définit un compromis généralement retenu pour les applications civiles consistant à obtenir une égalité entre le FFR et le FAR (ou entre le FMR et le FNMR). Il y a aussi le FTE (*Failure To Enrol*) qui mesure la probabilité qu'une personne ne puisse être enrôlée pour des raisons physiques tenant à la personne ou techniques liées au dispositif de capture. Mais, l'augmentation du taux d'échec à l'enrôlement, lorsqu'elle est délibérée et destinée à éliminer les images de mauvaise qualité ne pouvant servir de référence pour les comparaisons futures, peut produire une diminution des taux d'erreurs (FM ou FNM). Ce phénomène peut aussi survenir lors de l'identification, à ce moment on parle d'une erreur F.T.A. (*Failure To Acquire*).

f. Caractéristiques de la biométrie.

Un certain nombre de caractéristiques sont utilisées dans diverses applications. Chaque trait biométrique a ses avantages et ses inconvénients, c'est pourquoi, le choix de la technique pour une application particulière dépend d'une variété de questions en plus de sa performance. JAIN ET AL [6] ont identifié sept facteurs déterminant la convenance des traits physiques ou comportementaux pour être utilisés dans une application biométrique : [1]

- **Universalité** : toute personne ayant accès à l'application doit posséder le trait.
- **Unicité** : le trait doit être suffisamment différent d'une personne à une autre.
- **Permanence** : le trait biométrique d'une personne doit être suffisamment invariant au cours d'une période de temps.
- **Mesurabilité** : il devrait être possible d'acquérir et de numériser les données biométriques à l'aide d'un dispositif approprié.
- **Performance** : la précision de la reconnaissance et les ressources nécessaires pour atteindre la précision que doit satisfaire les contraintes imposées par l'application.
- **Acceptabilité** : les individus qui vont utiliser cette application doivent être disposés à présenter leurs traits biométriques au système.
- **Contournement** : il s'agit de la facilité avec laquelle le caractère d'un individu peut être imité en utilisant des objets (par exemple : faux doigts dans le cas de traits physiques et le mimétisme, dans le cas de traits de comportement).

g. Types de reconnaissance par biométrie.

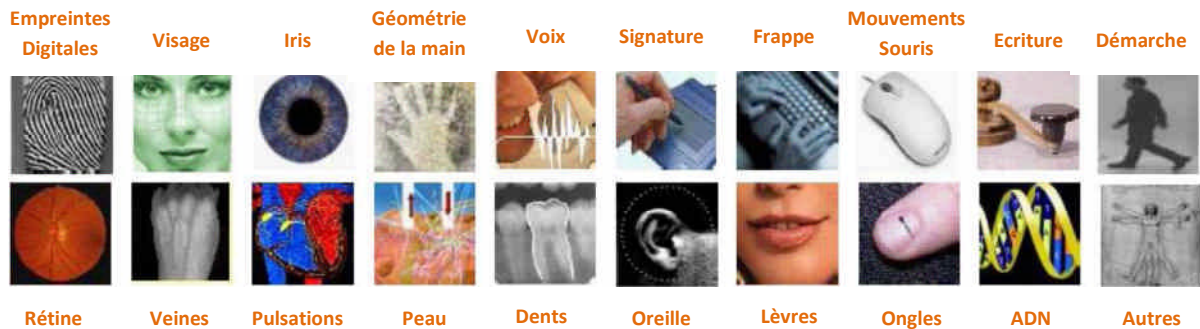


Figure II.4 - Différentes modalités biométriques.

Bien qu'il existe un très grand nombre de modalités biométriques, nous pouvons distinguer deux grandes catégories:

- ❖ **L'analyse des traces biologiques** : basées sur les caractéristiques biologiques des individus (ADN, salive, urine, odeur...). Ce type de biométrie est très complexe à mettre en œuvre dans un système usuel de reconnaissance et n'est utilisé que dans un cas d'extrême nécessité (ex.: Enquête criminelle, test de paternité...etc.)
- ❖ **L'analyse des traits physiques** : ce type de méthodes est beaucoup plus facile à mettre en œuvre dans un système de contrôle d'identité et ne nécessite pas autant de moyens. Comme montré dans le schéma de la Figure II.5, nous pouvons représenter les types de biométries physiques les plus connus et les plus utilisés dans les deux grandes classes : [2]
 - ✓ **la biométrie physiologique ou morphologique** : utilisant les caractéristiques physiologiques de l'individu (exemple: la forme de la main, la forme du visage, les empreintes digitales, l'iris, la rétine...etc.)
 - ✓ **la biométrie comportementale** : qui se base sur le comportement de l'individu. (exemple: la démarche, la voix, les mouvements...etc.)

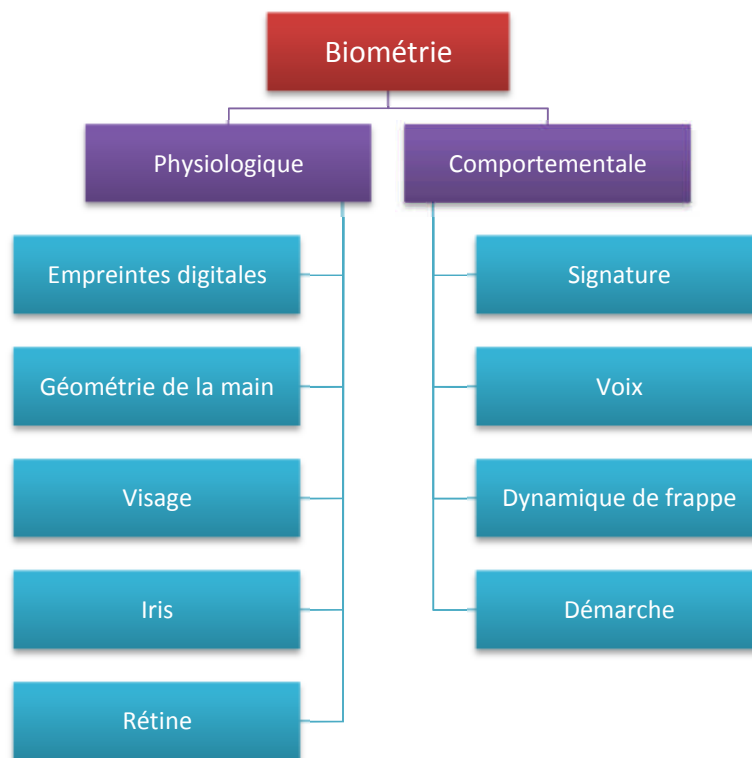


Figure II.5 - Catégories des méthodes d'identification biométriques [2].

1. La reconnaissance comportementale.

Dans ces techniques de reconnaissance, on s'intéresse aux caractéristiques physiques en activité des individus qui peuvent être typiques et permettent de distinguer une personne d'une autre. Plus explicitement, on étudie la manière de faire des individus.

Comme exemple nous citons :

i. La signature.

La vérification par signature comme technique était parmi les premières utilisées dans le domaine de la biométrie. Il y avait plusieurs systèmes concurrents dans ce domaine. Elle semblait être une application évidente de la biométrie car il y avait tant de processus familiers qui avait utilisé la signature comme moyen de vérification d'identité.



En outre, la signature biométrique, du moins en théorie, fournissait une profondeur d'analyse autre que celle de la mesure de la dynamique inhérente dans son écriture, la précision géométrique de la signature. Dans des tests indépendants, la vérification de la signature a donné une raisonnable présentation d'elle-même. Cependant, dans les situations réelles, l'utilisation des tablettes graphiques disponibles dans le marché et les systèmes adéquats n'était souvent pas une chose aussi aisée. En outre, il est intéressant, en termes proportionnels, de voir les incohérences de certaines personnes en signant leur nom dynamiquement et graphiquement. Tandis qu'un observateur humain peut tolérer ces incohérences tant que la signature est correcte, l'algorithme de vérification automatique de la signature prenait un temps important, particulièrement quand il essayait de fonctionner avec un niveau de tolérance serré. En conséquence, la vérification par signature biométrique reste une technique traditionnelle, bien qu'il puisse y avoir des applications où elle peut s'avérer utile. [7]

ii. La dynamique de frappe.

Selon [7], c'est une autre technique primitive dans laquelle un énorme apport en temps et en effort a été investi, notamment par quelques grandes compagnies de technologie de l'information. L'idée d'identifier un individu par sa dynamique particulière de frappe était clairement attrayante parmi les perspectives de la technologie de l'information et des réseaux. Tandis qu'il semblait possible de déterminer une signature dynamique individuelle de frappe dans des conditions soigneusement contrôlées, les utilisateurs réels sous de réelles conditions de fonctionnement



n'étaient pas aussi cohérents qu'on le voudrait dans la manière d'utiliser un clavier afin de mettre en application cette technologie. En outre, en utilisant les claviers standards, il n'y avait pas vraiment une richesse d'information individualiste avec laquelle travailler. Après beaucoup de recherches et quelques démonstrations intéressantes, l'idée de la dynamique de frappe en tant que technique biométrique comportementale viable semblait se faner, particulièrement quand d'autres techniques ont été vues accomplir de bons progrès.

une démarche unique est intéressante et, sous des conditions de laboratoire, le concept de l'identification de démarche peut être démontré. Cependant, la vie réelle est pleine de désaccords dynamiques qui rendent l'exécution d'un tel système particulièrement difficile. En plus des complexités de comparaison, il y a des facteurs tels que l'occasion de saisir l'image mobile d'un individu en isolement et dont le détail est suffisant pour pouvoir entreprendre une telle comparaison. La création d'un modèle fiable est également quelque chose qui présente de vrais défis. L'identification de la démarche représente un exemple intéressant de la recherche biométrique conduite par une condition perçue : dans ce cas-ci, pour identifier un individu à une distance au-delà de laquelle la biométrie de contact et à bout-portant ne peuvent fonctionner. C'est peut-être une idée attrayante pour des applications militaires et de très haute sécurité, mais il est douteux que l'identification par la démarche deviendra une technique biométrique courante. [7]

2. La reconnaissance physiologique.

Ces types de reconnaissance mesurent une caractéristique spécifique de la structure ou de la forme d'une partie du corps humain. Nous pouvons citer les exemples les plus connus :

i. La géométrie de la main.

C'est l'une des techniques biométriques pilotes qui, à l'origine, mesurait la position et la taille des doigts, placés sur une surface plane. Le dispositif original était plutôt grand et encombrant, mais ceci a été aussitôt raffiné en créant le dispositif de la géométrie de la main ID3D, qui était beaucoup plus pratique et, comme son nom le suggère, a présenté un facteur tridimensionnel avec l'utilisation des miroirs. Il y avait beaucoup de points forts liés à ce dispositif, incluant la facilité d'utilisation relative et un pattern exceptionnellement petit d'environ 9 octets, facilitant son stockage sur des médias portatifs avec une basse utilisation de ressource du système dans le cas d'un stockage central ou, sur le dispositif lui-même. L'ID3D était également longuement mûri d'une perspective de systèmes, facilitant les réseaux RS485 simples à créer avec rien de plus que les lecteurs eux-mêmes et fournissant effectivement le stockage distribué de patterns. Les versions actuelles du lecteur original de la géométrie de main continuent à fournir une bonne fonctionnalité, la facilité d'utilisation et une performance tout à fait raisonnable. Elles restent particulièrement bien adaptées à certains types d'applications et sont employées



souvent dans le cadre du contrôle d'accès physique, la surveillance des temps et des présences et les applications semblables. [7]

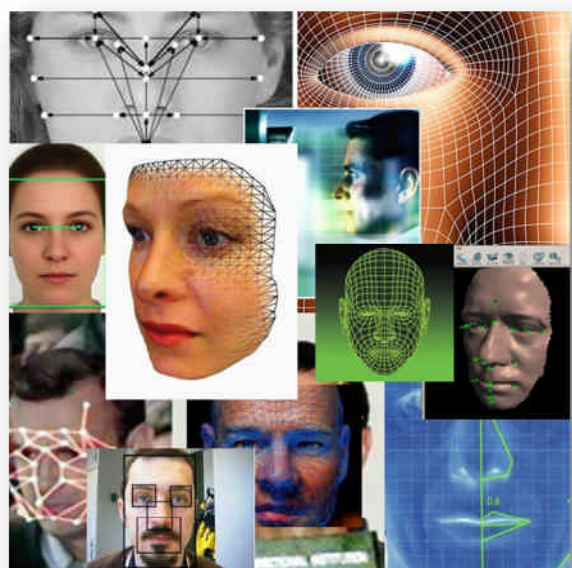
ii. Les veines.

On a longtemps considéré que le modèle des veines dans l'anatomie humaine peut être unique aux individus. En conséquence, il y a eu de diverses réalisations du balayage de veine au cours des années, du balayage de main, au balayage de poignet et, plus récemment, au balayage de doigt. La plupart de ces techniques ont été utilisées sur terrain et ont pu certainement former la base d'un système biométrique viable de vérification d'identité. Le problème auquel elles font face n'est pas un problème de possibilités ou d'efficacité technique, mais plutôt un problème de réalité du marché. La prépondérance de systèmes d'empreinte digitale, de visage et d'iris, facilement disponibles à une large gamme de coûts, ne permet pas à une technique distincte de gagner la part de marché sans avantage clair et irrésistible. Même les techniques primaires, telles que la géométrie de main, ont une base qui est peu susceptible d'être réalisée par une technique plus récente de performance comparable. En conséquence, pour n'importe quelle nouvelle technique biométrique prenant place dans le marché, elle doit gagner le terrain et offrir des avantages clairs qui ne peuvent pas être réalisés par des méthodes contemporaines. Les diverses réalisations de balayage des veines, bien qu'assurément intéressantes, ne peuvent lutter que peu dans ce contexte. Cependant, le temps peut s'avérer un niveleur intéressant dans ces contextes et les demandes de la technique de balayage de veines peuvent s'accroître. [7]



iii. Le visage.

L'identification par visage a été disponible comme technique biométrique pendant longtemps, bien qu'elle soit probablement juste pour indiquer que les réalisations primaires ont laissé à désirer en termes d'exactitude et de fiabilité de comparaison. Cependant, la technique a beaucoup d'applications potentielles, et le



développement continu a assuré qu'il a rapidement mûri dans une technique opérationnelle viable. Typiquement, la technique implique la métrique des et entre caractéristiques distinctes dans le visage, se fondant moins sur des facteurs d'une nature transitoire tels que la coupe de cheveux ou l'utilisation des produits de beauté. Néanmoins, le visage humain est sujet au changement avec le temps et cette réalité demeurera un défi pour des systèmes d'identification de visage, comme le changement d'expression, la maladie, la vieillesse et d'autres facteurs normaux. En outre, les facteurs humains et environnementaux joueront presque toujours un très grand rôle dans l'efficacité d'un système d'identification de visage, dans un scénario donné de déploiement. En conséquence, l'identification de visage peut tout à fait ne pas égaler l'exactitude fournie par certaines autres techniques. Cependant, elle se prête aisément aux applications où le visage est déjà employé dans un contexte de vérification d'identité. De même, la capacité de comparer avec une image stockée, peut-être d'une source différente, semblera attrayante dans quelques applications de secteur public. L'identification de visage a été parfois employée en même temps qu'une autre biométrie afin d'augmenter la confiance en procédé de vérification d'identité. Le visage et l'empreinte digitale sont une combinaison populaire dans ce contexte. Tout en n'offrant pas les niveaux superlatifs de l'exactitude ou de l'exécution opérationnelle, l'identification de visage néanmoins demeure une technique populaire, et une de celles qui tireront bénéfice sans doute d'un développement ultérieur. [7]

iv. L'iris.

L'identification d'iris est devenue une technique biométrique populaire. Elle est généralement reconnue qu'étant peut-être la technique la plus précise en termes d'apparier différents modèles d'iris. En conséquence, c'est une technique utile que ce soit pour l'assortiment linéaire aux fins de vérification individuelle d'identité, ou un assortiment un-à-plusieurs aux fins d'identifier un iris particulier parmi plusieurs dans une grande base de données. En outre, l'exécution opérationnelle relative de l'identification d'iris peut être très bonne. Dans des réalisations antérieures, le défaut d'acquisition d'image de qualité appropriée dans de vraies conditions de fonctionnement pouvait être un problème, également pour la possibilité d'acquérir des modèles référentiels de bonne qualité. Cependant, la technique a rapidement évolué et de tels problèmes sont rarement rencontrés aujourd'hui. Les lecteurs d'identification d'iris ont tendance à être un peu plus chers que ceux pour certaines autres techniques, en grande partie en raison de leur complexité relative. En outre, l'installation et le commandement peuvent être un peu plus



exigeants, particulièrement en ce qui concerne le placement environnemental et l'accommodation pour une large gamme d'individus de taille physique différente. Toutefois, de tels soucis de déploiement peuvent être surmontés et peuvent être considérés insignifiants pour des applications où l'exactitude et la performance de l'identification d'iris est exigée. En termes simples, la technique implique la localisation de l'iris dans un visage humain, le séparant de la pupille et de la sclérotique, divisant l'iris évident en segments et analysant chaque segment en conséquence. De cette analyse, un code relativement sophistiqué d'iris peut être dérivé et comparé à une référence précédemment stockée. La quantité de détails représentée dans le code d'iris permet un niveau important de confiance en entreprenant les comparaisons, même en recherchant dans des bases de données très grandes. Ceci est facilité par la quantité de l'information disponible qui peut être dérivée d'un iris typique, et l'unicité relative de l'iris dans la population humaine. En effet, même les iris gauche et droit du même individu ont tendance à être distincts et des iris sont considérés comme invariables durant toute la vie, une fois fixés peu de temps après la naissance. L'identification par iris s'accroît en popularité ces dernières années et c'est une technique qui continuera sans doute à être employée couramment. [7]

v. Les empreintes digitales.

L'identification par empreintes digitales est la technique biométrique que la plupart de gens connaissent. C'était toujours le choix biométrique évident pour les services de police, où la comparaison des empreintes digitales a été fondamentale à l'identification des criminels durant le siècle dernier. Cette réalité en soi a, au début, présenté une sorte de stigmate, en raison de l'alignement fort avec la criminologie dans la plupart des esprits. Il y a une dichotomie ici entre les systèmes d'identification d'empreinte digitale automatisée (AFIS), comme employé par

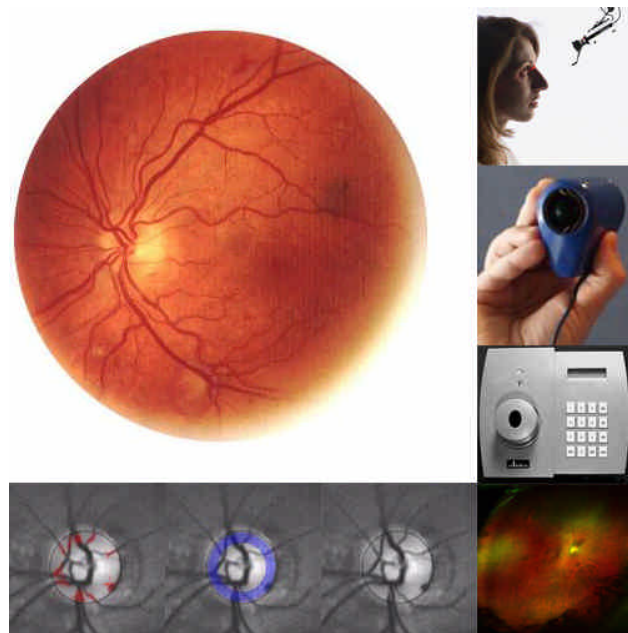


des organismes chargés de faire appliquer la loi, pour la recherche dans de grandes bases de données, souvent en différé, afin d'identifier des criminels, et des systèmes biométriques d'empreinte digitale discrète, qui fonctionnent typiquement en temps réel afin de vérifier une identité individuelle, dans une marge des scénarii. Les deux fonctions sont de plus en plus liées dans les secteurs tels que le contrôle aux frontières, et ceci soulève quelques questions intéressantes. La technologie elle-même, cependant, a progressé rapidement dans les systèmes réalisables qui sont considérablement plus faciles à utiliser et plus fiables que certaines implémentations originales. Les lecteurs d'empreinte digitale peuvent utiliser une

sonde optique ou capacitive, qui a ses propres avantages selon l'application. Les sondes optiques peuvent offrir la résolution et pouvoir facilement saisir une image pleine à teintes de gris de l'empreinte digitale. Les sondes capacitives tendent à être plus petites, facilement intégrées et moins sensibles à l'habillage de la crasse sur la surface de la sonde. L'algorithme de comparaison des empreintes digitales doit être basé sur l'identification des minuties selon un vecteur spatial, ou sur la comparaison des images par contrastes des pixels ou niveaux de gris. Quelques systèmes peuvent stocker l'information de minuties et une image complète de l'empreinte digitale. Dans la pratique, l'identification par empreintes digitales est devenue bien adoptée comme méthodologie biométrique à travers une large variété d'applications. Plusieurs de ces applications sont dans le secteur public, pour des applications telles que le contrôle aux frontières, documentation d'identité nationale, droit d'avantage et ainsi de suite. Beaucoup d'entre elles sont dans le secteur privé pour des applications telles que l'accès au réseau, la sécurité de dispositif mobile, les systèmes de paiement volontairement transportable et d'autres applications. Les sondes d'empreinte digitale sont devenues presque un article commode et sont souvent fournies en base dans un équipement original du fabricant (OEM) pour l'incorporation dans des PC, ordinateurs portables et une série d'autres dispositifs, ou bien fournies dans une gamme de formes distinctes comme les produits commerciaux disponibles immédiatement (COTS) pour l'intégration dans d'autres systèmes. L'exécution de l'identification d'empreinte digitale peut être robuste, selon le nombre d'empreintes digitales utilisées et la dépendance sur des facteurs humains et environnementaux. [7]

vi. La rétine.

Le balayage rétinien est une technique biométrique primaire, développée au début pour le contrôle d'accès dans les environnements militaires. Son exécution donnait de très bons résultats sous certaines conditions. Cependant, sa rentabilité était en général plutôt ennuyeuse, au moins en ce qui concerne les réalisations primaires, bien qu'elles soient améliorées dans des essais postérieurs. C'est principalement parce que son utilisation, à l'origine, imposait une fixation d'un dispositif binoculaire et d'aligner sa vision sur une cible chose que beaucoup de personnes ont, au début, eu du mal à faire- particulièrement ceux dont la vision est altérée. En outre, beaucoup d'utilisateurs n'ont pas beaucoup apprécié l'idée du contact physique avec l'interface binoculaire. En conséquence, alors que l'utilisation dans un environnement militaire



commandé a pu être acceptable (en grande partie parce que de tels utilisateurs n'ont eu aucun choix dans la matière) la technique trouvait peu de faveurs au sein de la communauté intégrale. La technique d'exploration rétinienne impliquait de balayer les modèles de veine de la rétine avec un faisceau actionné bas brillant à l'intérieur de l'œil : une fonction intrusive qui n'a pas été typiquement considérée comme une proposition attrayante par les utilisateurs potentiels. En outre, les premières versions des modules de balayage rétinien étaient excessivement chères pour n'importe qui en dehors des militaires. Les versions qui ont suivi sont devenues beaucoup moins coûteuses et étaient un peu mieux considérées en termes de connectivité, intégration de systèmes et interface utilisateurs. [7]

vii. Autres techniques.

Dans [7], l'auteur évoque d'autres techniques de vérification biométriques d'identité qui ont fait surface de temps à autre, telles que l'identification du lobe d'oreille et l'identification de l'odeur...etc. Presque n'importe quelle caractéristique anatomique ou trait comportemental pourrait être considéré comme candidat pour un identifiant biométrique fonctionnel. Cependant, nous devons placer de telles idées dans leurs contextes et les aligner avec la condition perçue. Si cette condition est d'avoir une méthode par laquelle nous pourrions vérifier une identité individuelle



avec un degré de confiance raisonnable, alors les méthodologies biométriques existantes nous fournissent les moyens de faire ceci d'une large série de manières, de ce fait, facilitant une large étendue d'applications. Peut-être, au moment adéquat, on développera d'autres techniques qui pourraient supplanter certaines des méthodologies existantes. Pour l'instant, nous pourrions utilement tourner notre attention vers une meilleure utilisation des techniques existantes dans des applications contemporaines, et la fourniture d'un meilleur arrangement du futur alignement avec des espérances sociales.

h. Comparaison des systèmes biométriques.

Une question qui se pose souvent dans ce domaine est la suivante :

« Quelle est la meilleure technique biométrique ? »

La réponse naturellement est qu'il n'y a aucune meilleure technique biométrique en termes absolus, tout dépend de la nature précise de l'application et des raisons de son

exécution. Néanmoins, nous pouvons analyser leur distribution du point de vue utilisation, et les comparer dans leurs propres contextes selon leurs critères de performance.

Marché de la biométrie

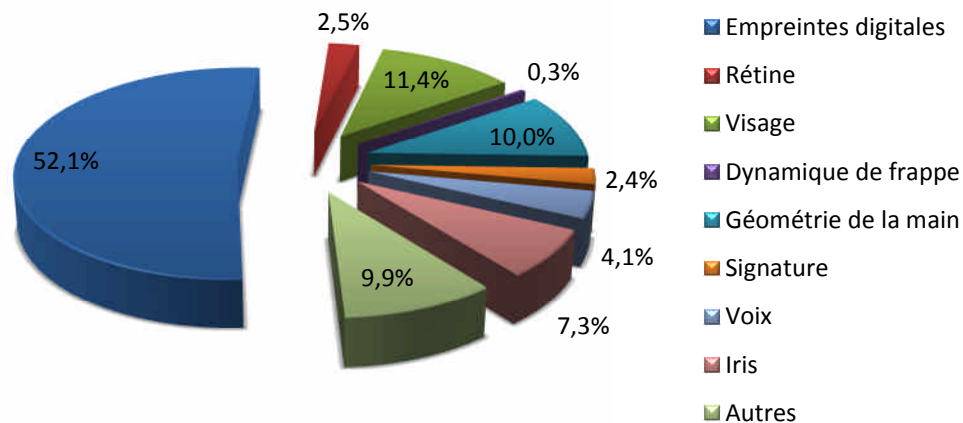


Figure II.6 - Distribution de l'utilisation des systèmes biométriques sur le marché mondial.

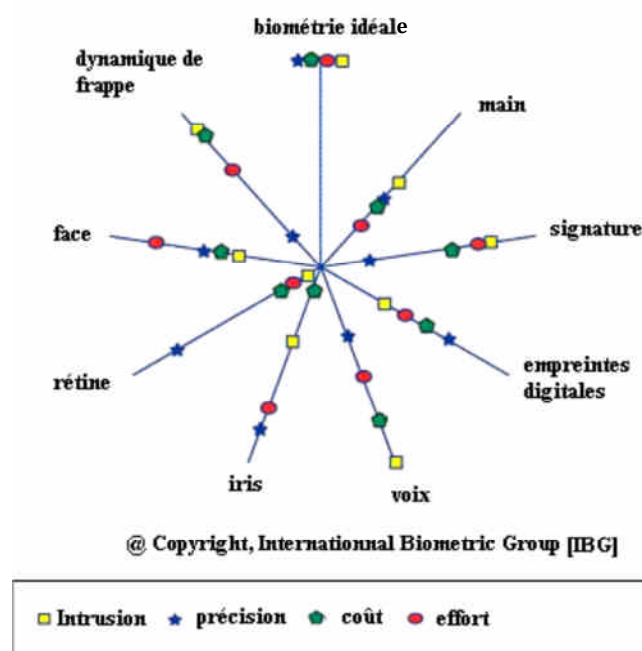


Figure II.7 - Comparaison des techniques biométriques selon les critères : Effort, Intrusion, Coût et Précision.

Sur le schéma présenté sur la Figure II.7, les différentes méthodes sont évaluées à l'aide d'une série de critères :

- ✓ **Effort** : effort fourni par l'utilisateur lors de l'authentification.
- ✓ **Intrusion** : information sur l'acceptation du système par les usagers.
- ✓ **Coût** : coût de la technologie (lecteurs, capteurs, etc.).
- ✓ **Précision** : efficacité de la méthode (liée au taux d'erreur).

Le Tableau II.3 montre qu'il n'existe pas de méthode idéale. Les méthodes se divisent en deux grands groupes. Le premier groupe englobe les méthodes conviviales pour les utilisateurs (effort à fournir faible, méthode peu intrusive, prix modéré) mais peu performantes. Ce groupe correspond aux méthodes basées sur la biométrie comportementale (reconnaissance de la voix, de la signature...). L'autre groupe contient les méthodes plus sûres (méthodes intrusives et prix élevés, performances très bonnes). Il est donc nécessaire de déterminer, au cas par cas, pour chaque problème, la méthode qui conviendra le mieux à la situation. Pour cela, il faut étudier attentivement le niveau d'exigence en sécurité, le budget pouvant être investi dans le système et la façon dont risquent de réagir les utilisateurs.

Actuellement, pour la mise en place des grands projets de passeports biométriques, les systèmes retenus par l'Europe semble être un stockage de la photo d'identité, des empreintes digitales et de l'iris sous forme numérique. A noter que le choix du ou des dispositifs biométriques peut aussi dépendre de la culture locale. Ainsi, en Asie, les méthodes nécessitant un contact physique comme les empreintes digitales sont rejetées pour des raisons d'hygiène alors que les méthodes basées sur l'iris sont très bien acceptées. La biométrie basée sur l'image rétinienne est très précise et très fiable mais c'est la méthode la plus intrusive et nécessitant un effort et un coût importants par rapport aux autres méthodes.

Le Tableau II.4 illustre une petite comparaison entre les systèmes biométriques les plus répandus. Nous pouvons constater que l'utilisation du système biométrique rétinien est rare malgré son excellente efficacité. Le retard de cette technique est dû surtout, comme déjà évoqué, au caractère invasif de l'acquisition de l'image rétinienne. Nous verrons dans les chapitres suivants que les méthodes d'acquisition sont en évolution continue, et que l'utilisation de ces systèmes d'identification par la rétine est de plus en plus sollicitée dans divers secteurs.

Caractères	Universalité	Unicité	Permanence	Facilité de collecte	Performance	Acceptabilité	Robustesse
<i>Biometrics</i>	<i>Universality</i>	<i>Uniqueness</i>	<i>Permanence</i>	<i>Collectability</i>	<i>Performance</i>	<i>Acceptability</i>	<i>Circumvention</i>
Face	Haut	Bas	Moyen	Haut	Bas	Haut	Bas
Empreinte digitale	Moyen	Haut	Haut	Moyen	Haut	Moyen	Haut
Géométrie De la main	Moyen	Moyen	Moyen	Haut	Moyen	Moyen	Moyen
Frappe sur le clavier	Bas	Bas	Bas	Moyen	Bas	Moyen	Moyen
Veines de la main	Moyen	Moyen	Moyen	Moyen	Moyen	Moyen	Haut
Iris	Haut	Haut	Haut	Moyen	Haut	Bas	Haut
Rétine	Haut	Haut	Moyen	Bas	Haut	Bas	Haut
Signature	Bas	Bas	Bas	Haut	Bas	Haut	Bas
Voix	Moyen	Bas	Bas	Moyen	Bas	Haut	Bas
Thermographie Faciale	Haut	Haut	Bas	Haut	Moyen	Haut	Haut
Odeur	Haut	Haut	Haut	Bas	Bas	Moyen	Bas
ADN	Haut	Haut	Haut	Bas	Haut	Bas	Bas
Démarche	Moyen	Bas	Bas	Haut	Bas	Haut	Moyen
Oreille	Moyen	Moyen	Haut	Moyen	Moyen	Haut	Moyen

Jain, 1999

Tableau II.3 - Les caractéristiques des différentes techniques biométriques.

Méthode	Utilisation %	Nombre de points mesurables	Fiabilité
Empreintes digitales	50	(80)	Assez bonne
Reconnaissance faciale	15	Selon la photo	Variable
Reconnaissance de la main	10	(90)	Bonne
iris	6	(244)	Proche de 99%
signature	< 5	Selon la signature	Variable
voix	Peu utilisé	Dépend des bruits de fond	Peu fiable
Rétine	Rare	400	Excellente

Tableau II.4 - Comparaison entre quelques méthodes d'identification biométriques.

III. Conclusion.

En résumé, l'exigence accrue pour des systèmes d'authentification fiables et commodes, la disponibilité des ressources informatiques peu coûteuses, le développement des capteurs biométriques bon marché, et les avancements dans le traitement du signal, ont contribué au déploiement rapide des systèmes biométriques dans les établissements s'étendant des épiceries aux aéroports.

L'apparition des systèmes multi-biométriques a nettement amélioré la performance des systèmes d'identification. C'est seulement une question de temps avant que la biométrie puisse s'intégrer dans le tissu même de la société et s'imposer dans notre vie quotidienne.

Par ailleurs, la biométrie n'est pas une science exacte : elle reste dépendante de la qualité des captures, du traitement de celles-ci, et donne des réponses en termes de « pourcentage de similitude ». Il faut donc tenir compte d'un facteur risque. En d'autres termes, la reconnaissance dans la plupart des systèmes biométriques n'est pas fiable à 100% comme c'était le cas pour les systèmes de reconnaissance classiques (Badge, carte à puce, mot de passe...), mais présentent bien des avantages qui leur donnent un intérêt d'une grande importance dans la sécurité des infrastructures et des systèmes informatiques.

Bien qu'actuellement elle demeure moins utilisée que les autres techniques à cause de son caractère invasif et de son coût relativement élevé, la reconnaissance par images rétinienne est d'une précision relativement importante et donne un résultat assez fiable. C'est pour cette raison que nous avons choisi d'étudier cette technique dans ce mémoire, et de détailler les différentes étapes depuis l'acquisition et le prétraitement des images, jusqu'à l'extraction des caractéristiques et la comparaison des signatures biométriques.

La technologie est en évolution continue et très rapide en ce qui concerne les instruments d'acquisition. Il est très probable que dans un proche avenir, d'autres techniques d'acquisition des images rétinienne de caractère moins invasif verront le jour et permettront à cette méthode de gagner plus d'ampleur dans le marché de la biométrie.

Chapitre 2

Les outils morphologiques

Sommaire

I. Introduction.....	28
II. Morphologie mathématique.....	29
a. Notions élémentaires.	30
1. Les images.	30
2. Les trames.....	32
3. La notion de connexité.	32
4. Morphologies binaire et numérique.	34
5. Propriétés de base des transformations morphologiques.....	35
6. Les éléments structurants.	36
b. Transformations morphologiques élémentaires.....	37
1. Erosion et dilatation.	37
2. Les filtres morphologiques.	39
3. Transformation chapeau haut de forme.....	43
4. Les squelettes.	43
5. Segmentation par la ligne de partage des eaux (LPE).....	45
III. Conclusion.	52

Résumé

Ce chapitre est dédié à une brève description des outils morphologiques utilisés dans ce mémoire. Dans la première partie, des notions de base sont présentées. Dans la deuxième partie, les opérateurs morphologiques utilisés dans ce mémoire sont définis et décrits.

I. Introduction.

Ce chapitre décrit brièvement les techniques de traitement d'images et de morphologie mathématique utilisées au cours du processus d'identification des individus à travers leurs images rétiniennes. En majeure partie, ces opérateurs interviennent lors de l'amélioration des images acquises et l'extraction des caractéristiques en vue d'établir une signature biométrique. Il se contentera de présenter seulement les outils nécessaires à notre travail.

L'analyse d'images désigne une discipline des mathématiques appliquées qui étudie les images numériques et leurs transformations, dans le but d'améliorer leurs qualités ou d'en extraire de l'information.

Dans le contexte de la vision artificielle, l'analyse d'images se place après les étapes d'acquisition et de numérisation, assurant les transformations d'images et la partie de calcul permettant d'aller vers une interprétation des images traitées. Cette phase d'interprétation est d'ailleurs de plus en plus intégrée dans l'analyse d'images, en faisant appel, notamment, à l'intelligence artificielle pour manipuler des connaissances, principalement sur les informations dont on dispose à propos de ce que représentent les images traitées (connaissance du domaine).

La compréhension de l'analyse d'images commence par la compréhension de ce qu'est une image. Le mode et les conditions d'acquisition et de numérisation des images traitées conditionnent largement les opérations qu'il faudra réaliser pour extraire de l'information. En effet, de nombreux paramètres entrent en compte, les principaux étant :

- La résolution d'acquisition et le mode de codage utilisé lors de la numérisation, qui déterminent le degré de précision des éventuelles mesures de dimensions.
- Les réglages optiques utilisés, (dont la mise au point) qui déterminent par exemple la netteté de l'image.
- Les conditions d'éclairage, qui déterminent une partie de la variabilité des images traitées.
- Le bruit de la chaîne de transmission d'image.

Quelques exemples types d'informations qu'il est possible d'obtenir d'une image numérique:

- La luminance moyenne.
- Le contraste moyen.
- La couleur prédominante.
- Le taux d'acuité moyen (précis ou flou).
- Le taux d'uniformité des couleurs.
- La présence ou l'absence de certains objets.

L'analyse d'image est une science appliquée, développée pour résoudre des problèmes de vision. A l'intérieur des domaines privilégiés de l'analyse d'image, la morphologie

mathématique a pris une part tout à fait originale, grâce à son approche aussi bien pragmatique que théoriquement bien fondée. C'est sans doute grâce à la symbiose entre une rigueur mathématique féconde et une volonté d'appliquer ses principes à des vrais problèmes, que la morphologie mathématique a connu le succès qu'elle mérite, auprès, en particulier, des industriels.

L'analyse d'image a pour objectif la description aussi complète que possible d'une image, mais celle-ci est constituée d'objets. Pour extraire des informations qualitatives, il faut faire appel aux outils de la morphologie mathématique qui permettent de déterminer des paramètres caractéristiques de l'image. Une image est très riche en informations et il faut pouvoir sélectionner les plus judicieuses.

Plusieurs ouvrages de la littérature présentent des définitions détaillées de ces outils. Nous allons nous contenter de reporter quelques brèves définitions des notions de base et des opérateurs morphologiques utilisés dans notre mémoire. Nous avons croisé ces définitions, essentiellement, dans [29], [30], [64], [65] et d'autres travaux que nous citerons au fur et à mesure du développement de ce chapitre.

II. Morphologie mathématique.

La morphologie mathématique (MM) correspond à une technique non linéaire de traitement du signal née dans les années 60 des travaux de G. MATHERON et J. SERRA. Elle correspond initialement à une continuation des travaux de recherche sur la théorie des ensembles de H. HADWIGER [66, 67] et de H. MINKOWSKY [68, 69]. La plus grande partie de cette théorie a été développée au Centre de Morphologie Mathématique (CMM) de l'Ecole des Mines de Paris.

Depuis lors, la morphologie mathématique a pris une importance considérable, si l'on en juge par les conférences, articles, livres qui la présentent, ainsi que par le nombre croissant de matériels spécialisés, de programmes d'application et de réalisations industrielles qui lui font appel et ceci dans tous les domaines où l'analyse d'image est aujourd'hui utilisée.

La morphologie mathématique offre un grand nombre d'outils très puissants de traitement et d'analyse d'images que l'on retrouve sous différentes rubriques dans certains logiciels d'analyse d'images et même de retouches d'images. Le but est d'étudier des objets en fonction de leur forme, de leur taille, des relations avec leur voisinage (en particulier topologique), de leur texture et de leurs niveaux de gris ou de leur couleur. Par les transformations qu'elle propose, elle se situe à différents niveaux du traitement d'image (filtrage, segmentation, mesure, analyse de texture) et définit ainsi des outils pour la reconnaissance de forme.

Cette section n'est qu'une présentation sommaire de certaines notions de la morphologie mathématique qu'il nous paraît utile de rappeler dans ce mémoire. Les lecteurs qui

désireront approfondir certains points pourront, notamment, se reporter aux ouvrages de référence en ce domaine : les deux livres de J. SERRA [70, 71], ceux de G. MATHERON [72, 73] et le livre de COSTER ET CHERMANT [74].

a. Notions élémentaires.

Les transformations de la morphologie mathématique agissent sur des ensembles en morphologie binaire et sur des fonctions en morphologie numérique, le résultat d'une transformation étant de même nature que l'objet sur lequel elle s'applique (un ensemble est transformé en un ensemble, une fonction en une fonction). La morphologie binaire est basée sur les opérations booléennes de base sur les ensembles : l'union $\cup$ et l'intersection $\cap$. Dans le cas numérique, les opérations de base sont le supremum et l'infimum.

1. Les images.

Dans ce mémoire, nous travaillons sur deux types d'images : Des images binaires et des images à teintes de gris. Nous ne travaillons que sur des images discrètes à deux dimensions, c'est-à-dire des images qui sont définies sur un sous-ensemble de $\mathbb{Z}^2$.

Souvent, une image binaire est définie comme un cas spécial d'une image à teintes de gris (en effet, en partant de la Définition II.2 ci-dessous, les images binaires peuvent être définies comme des images à teintes de gris avec $T = \{0,1\}$). En Morphologie Mathématique, nous faisons l'inverse : les images à teintes de gris sont considérées comme des extensions des images binaires. Nous commençons donc par la définition d'une image binaire :

DÉFINITION II.1

Soit E un sous-ensemble de $\mathbb{Z}^2$. Tout sous-ensemble $A \subset E$ est appelé image binaire.

Une image à teintes de gris peut être définie de la manière suivante :

DÉFINITION II.2

Soit E un sous-ensemble de $\mathbb{Z}^2$ et $T = \{t_{min}, \dots, t_{max}\}$ un ensemble de nombres réels, dits valeurs de gris. Une image à teintes de gris f est une application $f : E \rightarrow T$.

L'opérateur qui permet de passer d'une image à teintes de gris à une image binaire est le seuillage :

$$T_{[\alpha_1, \alpha_2]}(f) = \{x \in E \mid \alpha_1 \leq f(x) \leq \alpha_2\} \quad (II.1)$$

$X_t^+(f)$ est appelé la section de f au niveau t (voir la Figure II.1) :

$$X_t^+(f) = T_{[t, t_{max}]}(f) = \{x \in E \mid f(x) \geq t\} \quad (II.2)$$

et $X_t^-(f)$ la section du fond. Souvent, X_t^- est appelé « lac » ; cette appellation s'appuie sur l'interprétation de l'image à teintes de gris comme une surface topographique (voir aussi la Figure II.1).

$$X_t^-(f) = T_{[t_{\min}, t]}(f) = \{x \in E \mid t < f(x)\} \quad (\text{II.3})$$

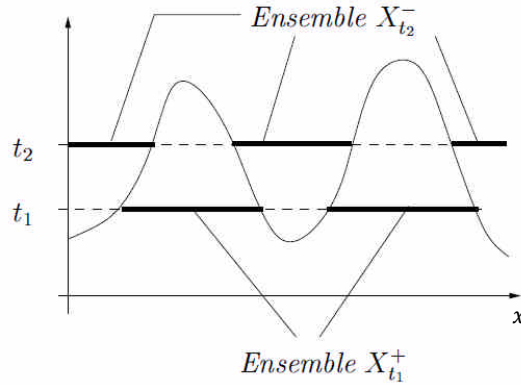


Figure II.1 - La section d'une fonction [30].

La famille d'ensembles $\{X_t^+\}$ est décroissante proportionnellement à t , la famille $\{X_t^-\}$ croissante proportionnellement à t .

Une image à teintes de gris peut être vue comme un empilement d'ensembles décroissants, c'est-à-dire comme un empilement de sections :

$$f(x) = \sup\{t \mid x \in X_t^+(f)\} \quad (\text{II.4})$$

$f(x)$ est le supremum de toutes les valeurs t (Figure II.2), pour lesquelles la section de f au niveau correspondant contient x . Cette interprétation des images à teintes de gris permet le passage d'une famille d'images binaires à une image à teintes de gris. Etant donné un opérateur binaire, on obtient l'opérateur correspondant pour des images à teintes de gris f en l'appliquant à toutes les sections de f et en empilant le résultat. Dans ce mémoire, nous utilisons des lettres majuscules pour désigner des sous-ensembles de $\mathbb{Z}^2$ (images binaires) et des minuscules pour des fonctions numériques (images à teintes de gris).

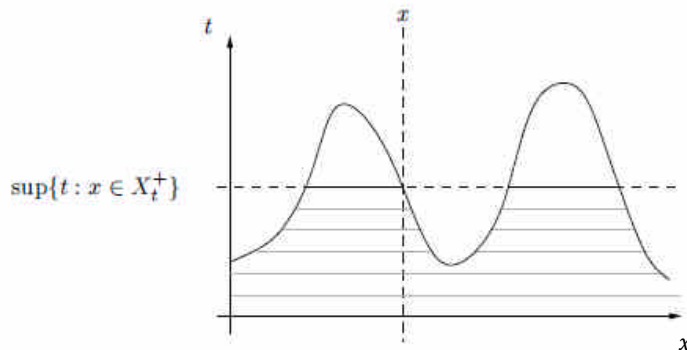


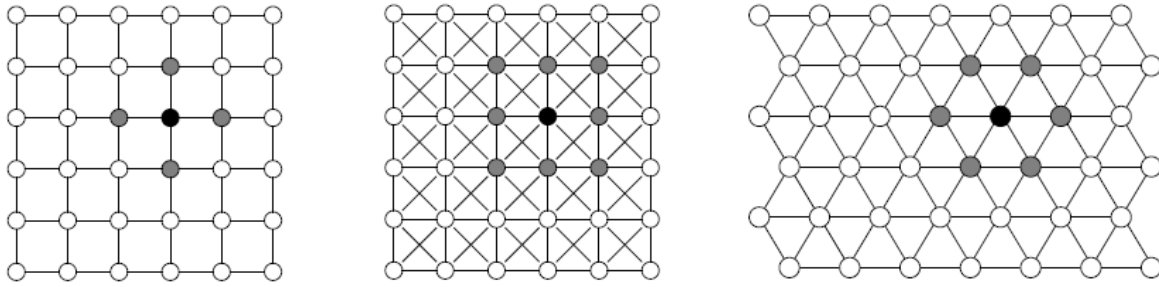
Figure II.2 - Une fonction numérique comme empilement d'ensembles [30].

2. Les trames

Beaucoup d'opérations en traitement d'images prennent en considération non-seulement un pixel isolé, mais le « voisinage » du pixel. Le voisinage peut être représenté par un graphe $\mathcal{G} \subset E \times E$ qui est l'ensemble de tous les couples de voisins :

$$\forall x, y \in E, x \text{ voisin de } y \Leftrightarrow (x, y) \in \mathcal{G} \quad (\text{II.5})$$

Chaque graphe $\mathcal{G}$ engendre une trame, c'est-à-dire un schéma d'organisation des pixels dans E . Dans la Figure II.3, nous montrons les trames les plus fréquemment utilisées en morphologie mathématique : la trame carrée avec 4 voisins, la trame carrée avec 8 voisins et la trame hexagonale avec 6 voisins. Les trames carrées correspondent à la représentation physique d'une image (sur un écran par exemple, la trame est carrée et non hexagonale) ; elles sont les plus utilisées en traitement d'images. Néanmoins, la trame hexagonale a des avantages considérables au niveau de la topologie et de l'isotopie.



(a) Trame en 4-connexité

(b) Trame en 8-connexité

(c) Trame en 6-connexité

Figure II.3 - Les trames fréquemment utilisées [30].

L'ensemble de voisins d'un point x est dit voisinage $N_{\mathcal{G}}$ d'un point x selon le graphe $\mathcal{G}$. Un point n'est pas son propre voisin : $x \notin N_{\mathcal{G}}(x)$

3. La notion de connexité.

La notion de connexité a été formalisée pour l'analyse d'image par G. MATHERON et J. SERRA [70, 71]. Elle permet notamment d'introduire la notion d'ouverture connexe ponctuelle (C_x):

DÉFINITION II.3 (OUVERTURE CONNEXE PONCTUELLE)

Une ouverture C_x est appelée ouverture connexe ponctuelle si elle vérifie les trois axiomes suivants:

$$\forall x \in E, C_x(\{x\}) = \{x\} \quad (\text{II.6})$$

$$\forall A \in E, \forall x \in E, C_x(A) \cap C_y(A) \neq \emptyset \Rightarrow C_x(A) = C_y(A) \quad (\text{II.7})$$

$$\forall A \in E, \forall x \in E, C_x(A) \neq \emptyset \Rightarrow x \in A \quad (\text{II.8})$$

Autrement dit, l'ensemble $C_x(A)$ est soit la composante connexe A si x appartient à A , soit l'ensemble vide si x n'appartient pas à A .

En discret, on travaille sur une grille ou trame permettant de définir des relations de voisinage entre les pixels (points de la trame) d'une image. Ce graphe (noté G) n'est qu'un ensemble de couples de pixels (soit un sous-ensemble de $\mathbb{Z}^2 \times \mathbb{Z}^2$), c'est-à-dire :

$$\forall p, q \in \mathbb{Z}^2, p \text{ est voisin de } q \Leftrightarrow (p, q) \in G \quad (\text{II.9})$$

On suppose toujours qu'un pixel n'est pas son propre voisin et que la relation « est voisin de » est transitive et symétrique. Le voisinage d'un pixel p au sens de la trame est :

$$\forall p \in \mathbb{Z}^2, N_G(p) \Leftrightarrow \{q \in \mathbb{Z}^2, (p, q) \in G\} \quad (\text{II.10})$$

DÉFINITION II.4 (CHEMIN)

Un chemin C de longueur $l(C) = n$ et d'extrémités p et q dans la trame G est un $(n+1)$ -uplet $(p_0, p_1, p_2, \dots, p_n)$ de pixels tels que :

$$p_0 = p \quad (\text{II.11})$$

$$p_n = q \quad (\text{II.12})$$

$$\forall i \in [1, n], p_i \in N_G(p_{i-1}) \quad (\text{II.13})$$

La notion de connexité est introduite à partir de la notion de chemin géodésique :

DÉFINITION II.5 (CONNEXITÉ)

Soit A un ensemble de pixels inclus dans $\mathbb{Z}^2$ et x un pixel de A . La composante connexe de A qui contient x ($C_x(A)$) est l'union des chemins d'origine x inclus dans A .

Nous verrons que le terme chemin géodésique vient du fait que le chemin est astreint à être entièrement inclus dans A .

DÉFINITION II.6 (DISTANCE GÉODÉSIQUE)

La distance géodésique $d_X(y, x)$ d'un point x à un point y à l'intérieur d'un ensemble X est la longueur du plus court chemin de x à y restant à l'intérieur de X :

$$d_X(y, x) = \inf \{l(C_{x,y}), C_{x,y} \in X\} \quad (\text{II.14})$$

Cette distance vaut, par définition, $+\infty$ s'il n'existe aucun chemin entre x et y à l'intérieur de X , c'est-à-dire si $x \notin X$ ou si $y \notin X$.

La distance géodésique d'un point x à un ensemble X notée $D(x, X)$ vaut alors :

$$D(x, X) = \inf \{ d_X(x, y), y \in X \} = \begin{cases} 0 & \text{si } x \in X \\ +\infty & \text{sinon} \end{cases} \quad (\text{II.15})$$

La notion de distance permet d'introduire celle de *fonction distance*, qui à chaque point x d'un ensemble X fait correspondre la distance de ce point au plus proche point du complémentaire de X :

$$f_d(X)(x) = \inf \{ d_X(y, x), y \in X^c \} \quad (\text{II.16})$$

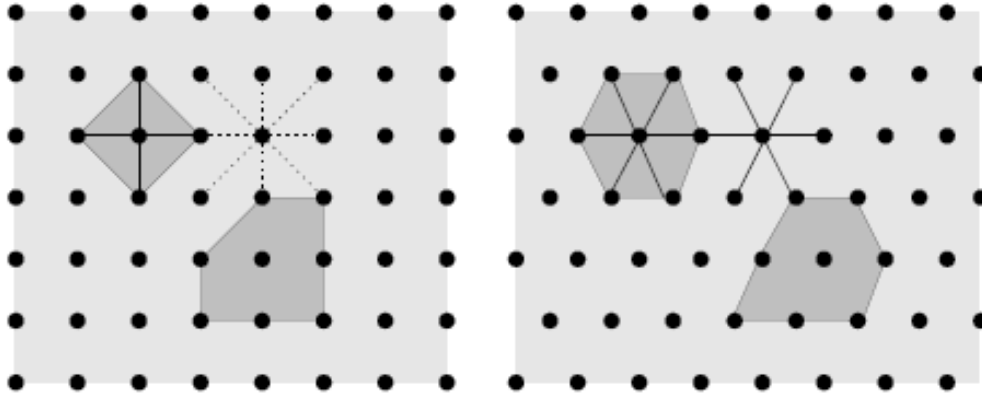
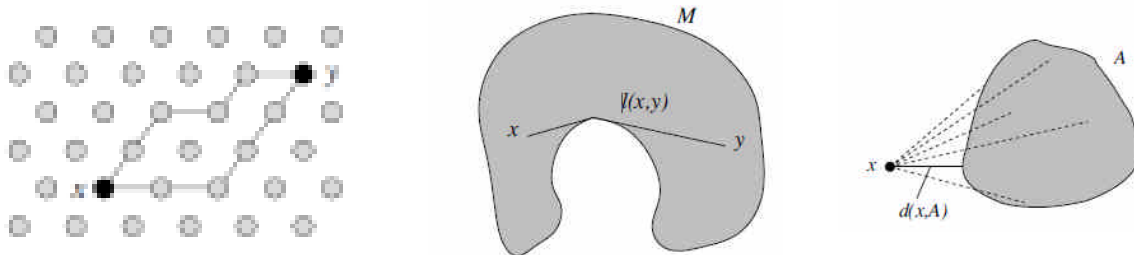


Figure II.4 - Trames carrée et hexagonale [64].



(a) Un chemin n'est pas unique dans une trame hexagonale

(b) Distance géodésique entre deux points dans un masque

(c) Distance entre un point et un ensemble

Figure II.5 - Notion du chemin et de la fonction distance [30].

Définir une distance et une connexité sur la trame revient donc à définir des relations de voisinage entre les pixels de cette trame. Ainsi, on distingue plusieurs types de connexités : hexagonale (6 voisins sur la trame), carrée (4 ou 8 voisins sur la trame). La trame hexagonale est certainement la plus utilisée par les morphologues car elle possède de bonnes propriétés de symétrie (voir Figure II.4): même connexité définie pour la forme et pour le fond (ce qui n'est pas le cas des trames carrées).

4. Morphologies binaire et numérique.

Dans tout ce qui suit ψ désignera une transformation alternativement binaire ou numérique sans qu'il soit fait de distinction. Le contexte permettra alors de déterminer si

l'on est dans le cas binaire ou dans le cas numérique (au cas où une ambiguïté subsisterait, nous préciserons de quel type de transformation il s'agit).

Morphologie binaire : Dans le cas binaire (images binaires), ψ agit sur des éléments de $\mathcal{P}(\mathbb{R}^2)$, c'est-à-dire des ensembles de $\mathbb{R}^2$ ($\psi: \mathcal{P}(\mathbb{R}^2) \rightarrow \mathcal{P}(\mathbb{R}^2)$). Dans ce cas, la relation d'ordre est l'inclusion.

Morphologie numérique : Dans le cas numérique (images à teintes de gris), ψ agit sur des fonctions de $\mathbb{R}^2$ dans $\mathbb{R}$. $\mathcal{F}$ désignera l'ensemble de ces fonctions ($\mathcal{F} = \{f: \mathbb{R}^2 \rightarrow \mathbb{R}\}$). $\psi: \mathcal{F} \rightarrow \mathcal{F}$. Dans ce cas, la relation d'ordre est la suivante :

$$\forall f, g \in \mathcal{F}, f \leq g \Leftrightarrow \forall x \in \mathbb{R}^2, f(x) \leq g(x) \quad (\text{II.17})$$

En pratique, les transformations s'appliquent dans un domaine fini du plan discret $\mathbb{Z}^2$, le domaine le plus généralement rectangulaire : les images correspondent alors à des tableaux de données. Une image numérique sera à valeurs dans $\mathbb{Z}$. Une image binaire peut alors être considérée comme une image numérique à valeurs binaires (prenant exclusivement les valeurs 0 ou 1 par exemple : 0 pour le fond et 1 pour la forme).

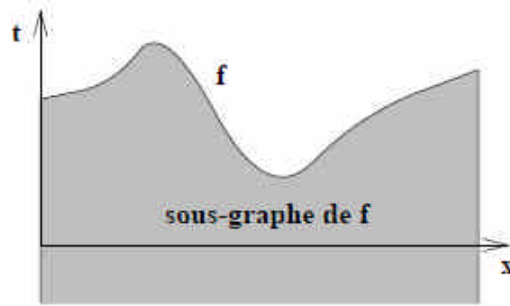


Figure II.6 - Sous-graphe d'une image numérique [64].

On définit le sous-graphe SG d'une image à niveaux de gris comme la partie de l'espace à trois dimensions située en dessous du graphe de l'image (voir Figure II.6). Plus précisément :

$$SG(f) = \{(x, t) \in \mathbb{Z}^2 \times \mathbb{Z}, t \leq f(x)\} \quad (\text{II.18})$$

5. Propriétés de base des transformations morphologiques.

Les transformations morphologiques sont dotées de propriétés importantes dont nous rappelons, dès à présent, les définitions. Ces propriétés de base des opérateurs morphologiques sont celles relatives aux opérations sur les ensembles.

Extensivité : ψ sera dite extensive si et seulement si son résultat est plus grand que l'ensemble ou la fonction de départ :

$$\forall X \in \mathcal{P}(\mathbb{R}^2), X \subseteq \psi(X) \quad \text{ou} \quad \forall f \in \mathcal{F}, f \leq \psi(f) \quad (\text{II.19})$$

Dans le cas contraire ($X \supsetneq \psi(X)$ ou bien $f \geq \psi(f)$), ψ sera dite *anti-extensive*.

Un opérateur anti-extensif agit de manière privilégiée sur les grains des images binaires (les structures claires des images numériques). Au contraire, un opérateur extensif traite les pores des images binaires (les structures sombres des images numériques).

Croissance: ψ sera dite croissante si et seulement si elle préserve l'ordre :

$$\forall X, Y \in \mathcal{P}(\mathbb{R}^2), X \subseteq Y \Rightarrow \psi(X) \subseteq \psi(Y) \text{ ou } \forall f, g \in \mathcal{F}, f \leq g \Rightarrow \psi(f) \leq \psi(g) \quad (\text{II.20})$$

Dans le cas contraire ($X \subseteq Y \Rightarrow \psi(X) \supsetneq \psi(Y)$ ou bien $f \leq g \Rightarrow \psi(f) \geq \psi(g)$), ψ sera dite *décroissante*.

Idempotence : Une transformation est dite idempotente si, appliquer plusieurs fois ψ revient à appliquer ψ une seule fois :

$$\psi \circ \psi = \psi \quad (\text{II.21})$$

Dualité : Enfin, deux transformations ψ_1 et ψ_2 sont duales si et seulement si appliquer l'une revient à appliquer l'autre sur le complémentaire de l'ensemble puis à complémentariser le résultat final :

$$\forall X \in \mathcal{P}(\mathbb{R}^2), \psi_1(X) = (\psi_2(X^c))^c \text{ ou } \forall f \in \mathcal{F}, \psi_1(f) = -(\psi_2(-f)) \quad (\text{II.22})$$

Homotopie : Une dernière propriété dont il est utile de parler est la conservation (ou la non conservation) de l'homotopie. D'une manière simple, on peut dire que deux ensembles (ou fonctions) sont homotopes si on peut passer de l'un(e) à l'autre par une transformation continue. Une transformation qui préserve l'homotopie ne crée ni détruit de particule.

6. Les éléments structurants.

En morphologie mathématique, et comme définie dans [30], la démarche habituelle est d'extraire les structures essentielles d'une image en faisant des comparaisons ensemblistes avec les translations d'un petit ensemble donné ayant un centre défini. Ce petit ensemble est appelé élément structurant (ES). La forme et la taille de cet élément structurant sont choisies en fonction des éléments d'intérêt dans l'image. Pour des images binaires, l'élément structurant est soit un sous-ensemble de E (ES plan), soit une petite image à teintes de gris (ES non-plan). Dans ce mémoire, seuls les éléments structurants plats sont utilisés.

La forme des éléments structurants peut être choisie librement mais quelques propriétés mathématiques des transformations morphologiques dépendent du choix de l'élément structurant (par exemple si l'élément structurant contient le centre ou pas). Dans la Figure II.7 les éléments structurants élémentaires pour les différentes trames sont montrés.

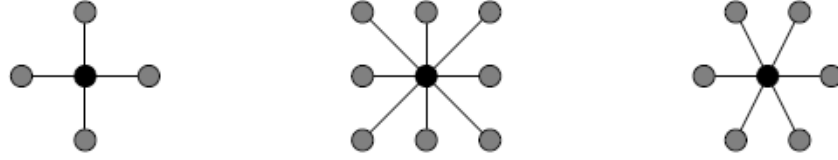


Figure II.7 - Des éléments structurants de base (Les centres sont marqués en noir) [30].

b. Transformations morphologiques élémentaires.

1. Erosion et dilatation.

L'érosion et la dilatation sont les opérateurs de base de la morphologie mathématique. Elles sont à l'origine d'un très grand nombre de transformations plus élaborées (fonction distance, squelettisation...). Dans tout ce qui suit, nous nous contenterons d'évoquer ces opérateurs, leurs définitions et propriétés. Les lecteurs désireux de plus amples informations pourront se reporter aux ouvrages de référence en ce domaine [70, 71]. L'ensemble des notations utilisées ici (notations "standard") seront conservées par la suite.

DÉFINITION II.7

Considérons un ensemble X et un élément structurant B (ensemble donné dont on définit le centre, c'est-à-dire dont on repère un point particulier quelconque).

La dilatation de X par B (notée $\delta_B(X)$, ou dans quelques ouvrages $X \oplus B$) est l'union des points x de $\mathbb{R}^2$ tels que B_x (B translaté en x) intersecte X :

$$\delta_B(X) = \{x \in \mathbb{R}^2, B_x \cap X \neq \emptyset\} \quad (\text{II.23})$$

L'érosion de X par B (notée $\epsilon_B(X)$, ou dans quelques ouvrages $X \ominus B$) est l'ensemble des points x de $\mathbb{R}^2$ tels que B soit entièrement inclus dans X lorsque B est centré en x .

$$\epsilon_B(X) = \{x \in \mathbb{R}^2, B_x \subset X\} \quad (\text{II.24})$$

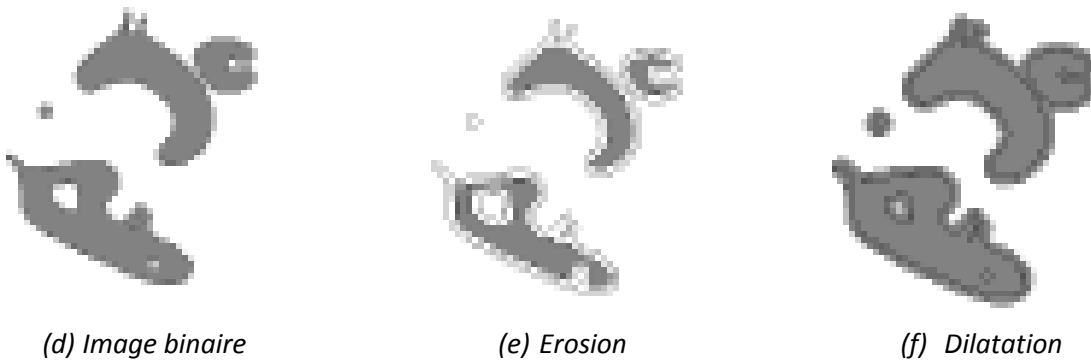


Figure II.8 - La dilatation et l'érosion de l'image binaire [30].

Dans le cas numérique, si B est un élément structurant plan, alors dilater une image f par B revient à donner à tout pixel x du domaine E (compact de $\mathbb{R}^2$) la valeur maximale de l'image f dans la fenêtre d'observation définie par B , lorsque B est centré en x :

$$\delta_B(f)(x) = \max \{x_k, k \in B\} \quad (II.25)$$

Et de la même manière pour l'érosion, on a :

$$\epsilon_B(f)(x) = \min \{x_k, k \in B\} \quad (II.26)$$

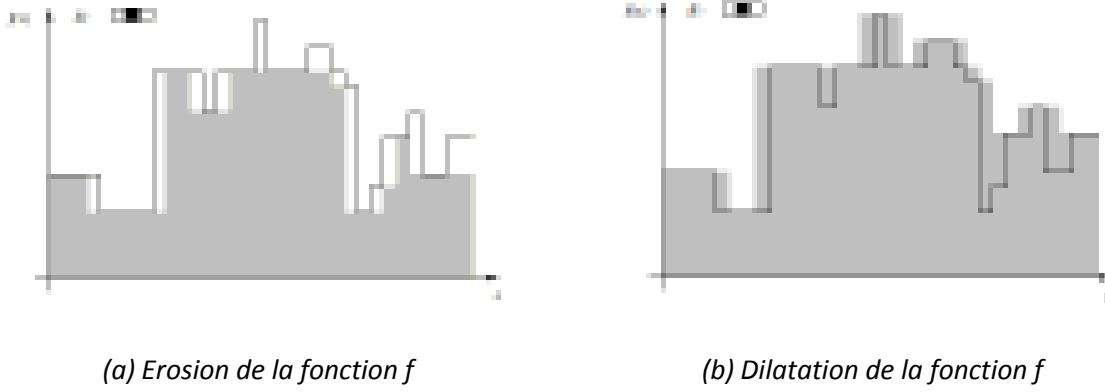


Figure II.9 - La dilatation et l'érosion d'une fonction [30].

Si B est non plan, alors l'érosion et la dilatation numériques doivent être définies par l'addition de MINKOWSKY [68, 69].

Il y a beaucoup à dire sur les propriétés de l'érosion et de la dilatation. Nous ne retenons ici que les principales :

- Erosion et dilatation sont des transformations croissantes
- Erosion et dilatation sont deux transformations duales
- Erosion et dilatation ne sont pas idempotentes
- Ces transformations sont irréversibles

i. Les gradients morphologiques.

A partir de la dilatation et de l'érosion morphologique, on définit les gradients morphologiques comme des résidus de ces transformations. Le gradient morphologique (symétrique) est défini comme le résidu de la dilatation et de l'érosion :

$$grad(f) = \delta_B(f) - \epsilon_B(f) \quad (II.27)$$

Il est possible de définir le gradient morphologique à partir d'un couple d'éléments structurants quelconque. On définit ainsi le gradient par dilatation et le gradient par érosion en considérant une des deux transformations de taille nulle (c'est-à-dire égale à l'identité) :

$$\begin{aligned} grad^+(f) &= \delta_B(f) - f \\ grad^-(f) &= f - \epsilon_B(f) \\ grad(f) &= grad^+(f) + grad^-(f) \end{aligned} \quad (II.28)$$

Ces gradients non symétriques sont également appelés gradients internes et externes.

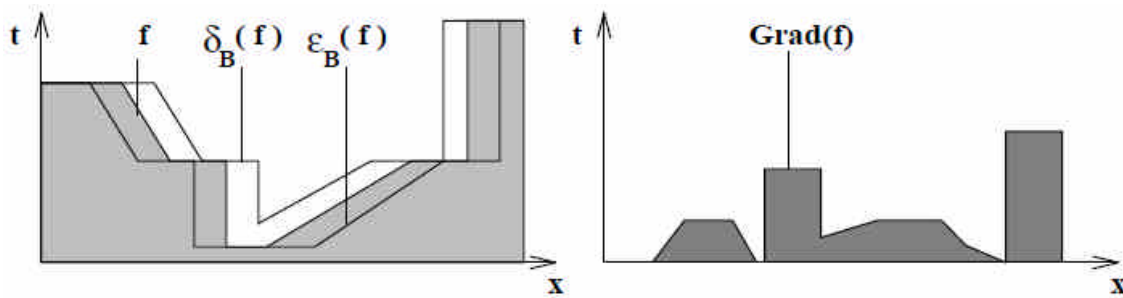


Figure II.10 - Gradient morphologique (symétrique) : dilaté- érodé [64].

Les gradients permettent d'extraire les zones de variation d'intensité. Les valeurs de crêtes correspondent à des zones de forte transition et coïncident généralement avec les contours des objets. Cette information est très utile pour les problèmes de segmentation d'image.

2. Les filtres morphologiques.

Une tâche très importante dans le traitement d'images est le filtrage. Filtrer une image est une opération irréversible : il s'agit d'enlever des éléments de l'image qui ne représentent pas d'intérêt dans un contexte particulier, tout en gardant idéalement l'information essentielle.

Les deux caractéristiques principales qui définissent un filtre morphologique sont :

- L'idempotence : filtrer une image peut être vu comme « passer au tamis » ; des éléments qui ne remplissent pas certains critères sont enlevés, les autres sont conservés. En appliquant cette opération une deuxième fois, le résultat ne doit pas changer.
- La croissance : la propriété de croissance est également liée au concept de « tamis » ; si des éléments avec une certaine taille ne passent pas le tamis, des éléments avec des tailles plus grandes ne le passent pas non plus.

i. Les ouvertures et les fermetures morphologiques.

Les filtres morphologiques les plus répandus sont les ouvertures et les fermetures morphologiques.

L'ouverture morphologique d'un ensemble A (notée $\gamma^B(A)$ ou $X \circ B$ dans quelques ouvrages) est l'ensemble de tous les éléments structurants traduits B_x qui rentrent entièrement dans A (et non pas l'ensemble des translations comme c'était le cas pour l'érosion).

$$\gamma^B(A) = \bigcup \{B_x \mid B_x \subseteq A\} \quad (\text{II.29})$$

Elle peut être écrite de la manière suivante :

$$\gamma^B(A) = \delta^{\check{B}} \varepsilon^B(A) \quad (\text{II.30})$$

avec $B = \{b\}$ l'élément structurant et $\check{B} = \{-b\}$ sa transposée.

La fermeture morphologique (notée $\phi^B(A)$ ou $X \bullet B$ dans quelques ouvrages) se laisse définir en utilisant le principe de dualité (c'est-à-dire, l'ouverture est appliquée à l'image inversée et le résultat est inversé de nouveau) :

$$\phi^B(A) = \left[\bigcup \{B_x \mid B_x \subseteq A^c\} \right]^c \quad (\text{II.31})$$

avec l'érosion et la dilatation :

$$\phi^B(A) = \varepsilon^{\check{B}} \delta^B(A) \quad (\text{II.32})$$

Un exemple est montré dans la Figure II.11: Nous voyons que l'ouverture est un filtre anti-extensif, la fermeture un filtre extensif.

L'ouverture enlève les petites structures, dans lesquelles l'élément structurant ne passe pas. L'ensemble ouvert $\gamma^B(A)$ est le plus petit ensemble A' dont l'érosion est $\varepsilon^B(A') = \varepsilon^B(A)$. La fermeture enlève toutes les structures du fond de l'image dans lesquelles l'élément structurant ne passe pas ; un ensemble fermé $\phi^B(A)$ est le plus grand ensemble A' dont la dilatation est $\delta^B(A') = \delta^B(A)$.

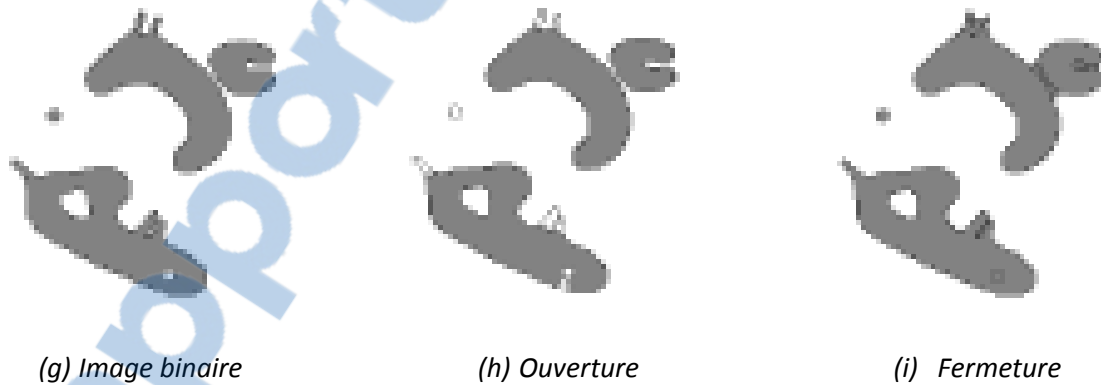


Figure II.11 - Ouverture et fermeture d'une image binaire [30]

Comme la fermeture et l'ouverture sont croissantes, elles s'appliquent également à des images à teintes de gris en les appliquant à toutes les sections $X_t^+(f)$ de f et en compilant les résultats. Encore une fois, cette méthode est plutôt de la nature théorique, en pratique les ouvertures et fermetures sont calculées par les équations (II.30) et (II.32).

ii. Les ouvertures et les fermetures algébriques.

Toute transformation idempotente, croissante et anti-extensive est appelée ouverture (algébrique), et toute transformation idempotente, croissante et extensive est appelée

fermeture (algébrique). Les ouvertures/fermetures morphologiques sont des cas particuliers des ouvertures et fermetures algébriques.

Dans la présentation suivante de quelques ouvertures/fermetures algébriques très répandues, nous n'explicitons pas la définition de la fermeture à chaque fois, sachant qu'il s'agit là d'une transformation duale à l'ouverture qui s'écrit $\phi = [\gamma(\cdot^c)]^c$.

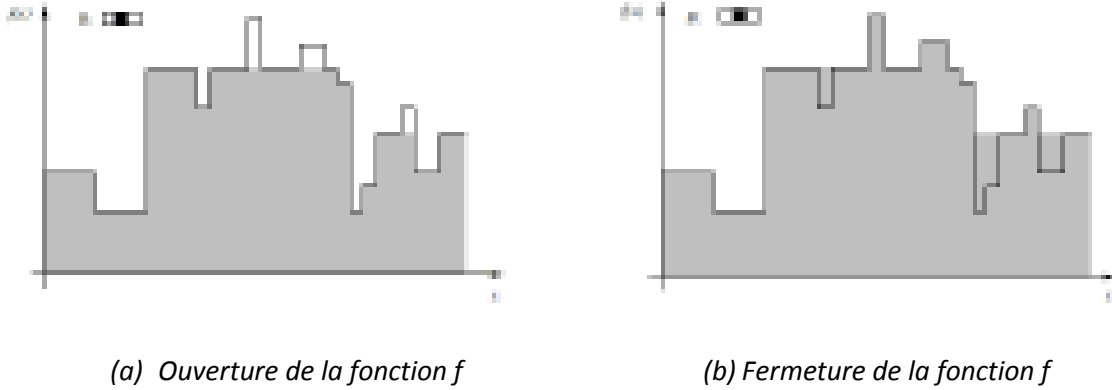


Figure II.12 - Ouverture et fermeture d'une fonction [30].

Les filtres géodésiques : Les filtres géodésiques sont parmi les plus puissants en morphologie mathématique. Ils permettent un filtrage d'une image qui enlève certains objets sans altérer les contours de ceux qui sont préservés. Un opérateur géodésique travaille sur deux images : l'une qui sert de « masque » et l'autre qui sert de « marqueur ».

La dilatation géodésique de taille 1 d'un ensemble X sous le masque Y est l'intersection de la dilatation de taille 1 de X avec le masque Y . La dilatation de taille n se définit par itération :

$$\delta_Y^{(n)}(X) = \delta_Y^{(1)} \delta_Y^{(n-1)}(X) \text{ avec } \delta_Y^{(1)}(X) = \delta^{(B)}(X) \cap Y \quad (\text{II.33})$$

L'érosion géodésique d'un ensemble X sur un masque Y se définit de manière analogue :

$$\varepsilon_Y^{(n)}(X) = \varepsilon_Y^{(1)} \varepsilon_Y^{(n-1)}(X) \text{ avec } \varepsilon_Y^{(1)}(X) = \varepsilon^{(B)}(X) \cup Y \quad (\text{II.34})$$

Pour les opérateurs appliqués à une fonction marqueur f respectivement sur/sous un masque g , il suffit de remplacer le $\cup$ par un $\vee$ et le $\cap$ par un $\wedge$:

$$\begin{aligned} \delta_g^{(n)}(f) &= \delta_g^{(1)} \delta_g^{(n-1)}(f) \text{ avec } \delta_g^{(1)}(f) = \delta^{(B)}(f) \wedge g \\ \varepsilon_g^{(n)}(f) &= \varepsilon_g^{(1)} \varepsilon_g^{(n-1)}(f) \text{ avec } \varepsilon_g^{(1)}(f) = \varepsilon^{(B)}(f) \vee g \end{aligned} \quad (\text{II.35})$$

Erosion et dilatation géodésiques sont montrées dans la Figure II.13.

La reconstruction morphologique : par dilatation $R_g(f)$ (ou par érosion $R_g^*(f)$) est l'itération de la dilatation (érosion) géodésique jusqu'à l'idempotence (pour les ensembles c'est analogue) :

$$\begin{aligned} R_g(f) &= \delta_g^{(i)}(f) \text{ avec } \delta_g^{(i)}(f) = \delta_g^{(i+1)}(f) \\ R_g^*(f) &= \varepsilon_g^{(i)}(f) \text{ avec } \varepsilon_g^{(i)}(f) = \varepsilon_g^{(i+1)}(f) \end{aligned} \quad (II.36)$$

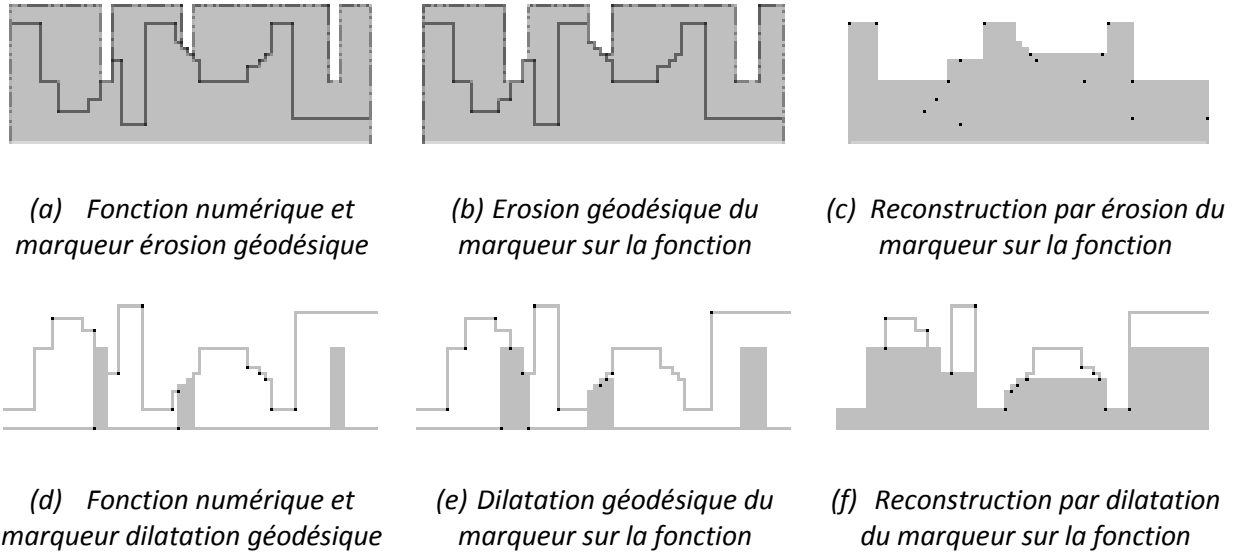


Figure II.13 - Les dilatations/érosions géodésiques et les reconstructions respectives [30].

Par rapport au masque, la reconstruction par dilatation est une ouverture et la reconstruction par érosion une fermeture.

iii. Les filtres alternés séquentiels.

Nous avons vu que les ouvertures enlèvent des éléments clairs et les fermetures les petits éléments sombres dans une image à teintes de gris. Souvent, il est préférable de traiter à la fois les éléments clairs et les éléments sombres (dans le cas où par exemple, une image est corrompue par du bruit clair et sombre), par exemple par l'application d'une ouverture suivie par une fermeture (ou bien l'inverse ce qui change le résultat). L'idée des filtres alternés séquentiels est d'itérer cette procédure :

$$ASF(\cdot) = \phi^{nB} \left(\gamma^{nB} \dots \left(\phi^{2B} \left(\gamma^{2B} \left(\phi^B \left(\gamma^B(\cdot) \right) \right) \right) \dots \right) \right) \quad (II.37)$$

ou bien :

$$ASF(\cdot) = \gamma^{nB} \left(\phi^{nB} \dots \left(\gamma^{2B} \left(\phi^{2B} \left(\gamma^B \left(\phi^B(\cdot) \right) \right) \right) \dots \right) \right) \quad (II.38)$$

Avec $(\cdot)$ l'image à teintes de gris ou binaire. Cette méthode est très efficace pour enlever du bruit sombre et clair de tailles variées.

3. Transformation chapeau haut de forme.

En analogie avec le gradient morphologique, nous pouvons calculer également la différence entre l'image et sa version ouverte ou fermée. Le résultat est la transformation chapeau haut de forme. Cette transformation extrait tous les détails d'une image qui ont été effacés par le filtrage correspondant :

$$\begin{aligned} \vartheta_{\gamma}(A) &= A \setminus \gamma(A) \quad \text{ou} \quad \vartheta_{\gamma}(f) = f - \gamma(f) \\ \vartheta_{\phi}(A) &= \phi(A) \setminus A \quad \text{ou} \quad \vartheta_{\phi}(f) = \phi(f) - f \end{aligned} \quad (\text{II.39})$$

ϑ_{γ} est appelé aussi la transformation chapeau haut de forme blanc (extraction des détails clairs) et ϑ_{ϕ} la transformation chapeau haut de forme noire (extraction des détails sombres). Contrairement au gradient morphologique, ce ne sont pas les bords des objets qui sont détectés, mais les détails qui ont été enlevés par l'ouverture/la fermeture correspondante.

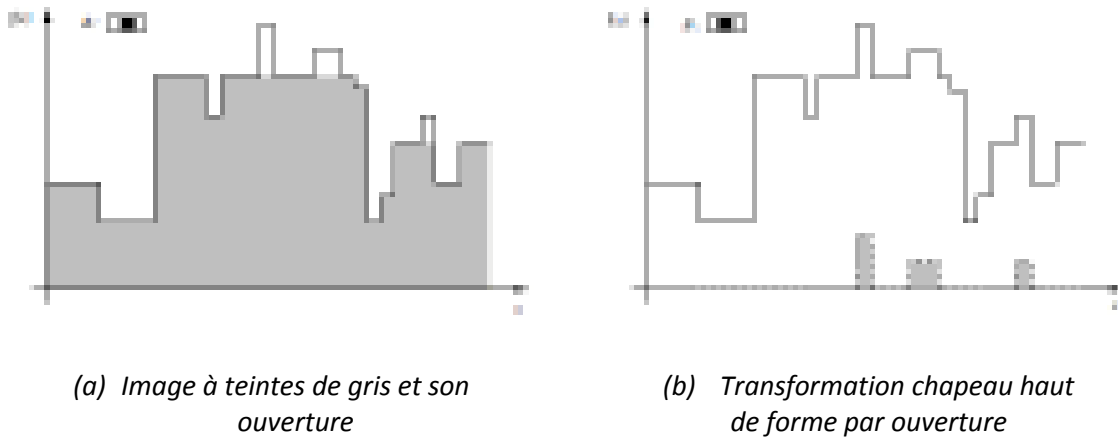


Figure II.14 - La transformation chapeau haut de forme [30].

Les chapeaux hauts de forme sont très utilisés pour l'extraction des détails qui ne dépassent pas une certaine taille. Très souvent, des ouvertures/fermetures morphologiques sont utilisées, mais en fait, une transformation chapeau haut de forme peut être associée à chaque ouverture/fermeture algébrique. Un exemple pour le chapeau haut de forme est montré dans la Figure II.14.

4. Les squelettes.

Des squelettes (ou axes médians) sont très utilisés dans le domaine de la reconnaissance et d'analyse de forme. L'idée est de représenter des objets par des lignes d'épaisseur unitaire qui gardent l'homotopie de l'ensemble original.

La squelettisation est une méthode très connue en analyse d'image, elle a été développée à l'origine dans les années soixante par divers auteurs, dont CALABI et HARTNETT [75], BLUM [76], en vue de créer un nouveau descripteur de formes. Cette méthode a gagné l'intérêt de nombreux chercheurs. En effet, il s'agit de représenter l'axe médian des objets,

en réduire l'épaisseur des composantes connexes jusqu'à une valeur infiniment petite, de telle sorte que l'on ne change ni leur nombre, ni leur genre. La réduction d'épaisseur se fait de la manière la plus isotrope possible (représentation de l'objet par un ensemble de lignes d'épaisseur unitaire).

Alors que la plupart des algorithmes pour la squelettisation sur le plan continu produisent des résultats semblables ou identiques, ceci n'est pas vrai pour les espaces discrets : en effet, il existe une multitude d'algorithmes différents qui donnent des résultats différents. L'une des méthodes fait intervenir la notion de boule maximale d'un ensemble X [29].

Une boule B incluse dans X est dite maximale si et seulement si il n'existe aucune autre boule de X la contenant :

$$\forall B' \text{ boule}, B' \text{ incluse dans } X; B' \subset B \Rightarrow B' = B \quad (\text{II.40})$$

On peut alors montrer que tout ensemble X ouvert peut s'exprimer comme la réunion de ses boules maximales ouvertes.

En fait, on peut encore simplifier la représentation : seuls suffisent les centres des boules maximales et les rayons associés. On appellera squelette de X le lieu des centres des boules maximales [75]:

$$S(X) = \bigcup \{x \in X, \exists r \geq 0 / B(x, r) \text{ est maximale dans } X\} \quad (\text{II.41})$$

Quelques exemples de squelettes obtenus par boules maximales sont montrés dans la Figure II.15

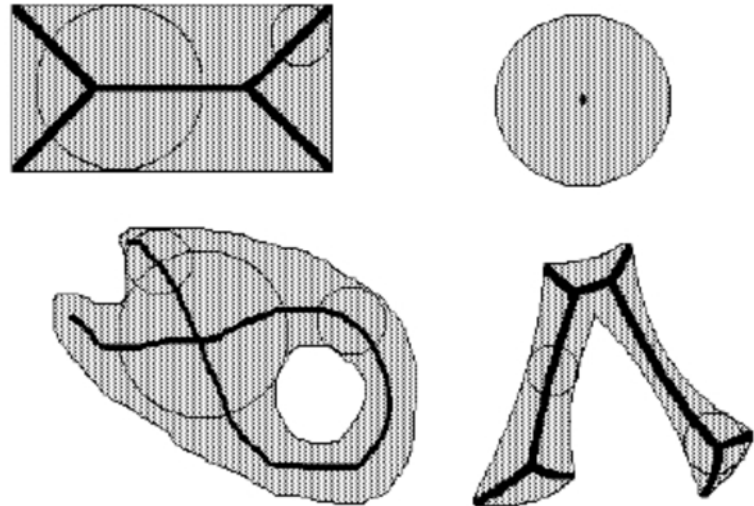


Figure II.15 - Exemples de squelettisation par boules maximales [29].

Dans le paragraphe suivant, nous allons décrire une approche de segmentation très utilisée en traitement d'images, cette approche est la ligne de partage des eaux.

5. Segmentation par la ligne de partage des eaux (LPE).

La segmentation d'images est l'une des tâches les plus importantes dans le traitement d'images : il s'agit de trouver une partition $\mathcal{R} = \{R_i\}$ de E , c'est-à-dire un ensemble de sous-ensembles de E avec les propriétés suivantes :

$$\begin{aligned} \forall i : R_i &\neq \emptyset \\ \forall i, j, i \neq j : R_i \cap R_j &= \emptyset \\ E &= \bigcup_i R_i \end{aligned} \quad (II.42)$$

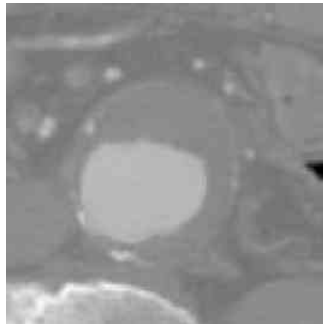
La segmentation assigne à chaque pixel $x \in E$ une et seulement une région R_i à laquelle il appartient et ainsi, elle permet de passer d'une représentation d'image par des valeurs numériques assignées aux pixels à une représentation par des régions (ou objets).

Comme cette tâche est parmi les plus importantes dans le traitement d'images, il existe une grande variété de méthodes. L'outil de segmentation par excellence en Morphologie Mathématique est la ligne de partage des eaux [77], [78], [79]. En effet, elle est plus performante que les autres méthodes (basées sur le seuillage ou bien sur des transformations morphologiques de base, telles que le chapeau haut de forme, les décompositions morphologiques d'images, les squelettes ...) qui ne sont utilisées que dans des cas spécifiques du fait de leur complexité ou bien de leur extrême simplicité et pour lesquels la ligne de partage des eaux ne constitue pas une solution optimale.

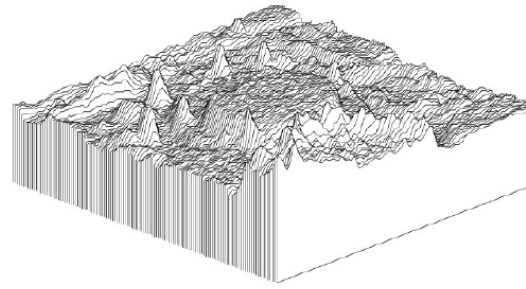
La notion de ligne de partage des eaux n'est pas en elle-même, à proprement parler, une notion purement issue de la morphologie mathématique. Le concept a son origine en topographie et en hydrogéologie. De nombreux auteurs se sont, d'ailleurs, penchés sur cette notion en essayant de définir des algorithmes permettant de la générer à partir des données topographiques (COLLINS [80], PUECKER et DOUGLAS [81], en 1975). Cependant, là où la ligne de partage des eaux devient intéressante, c'est lorsqu'elle apparaît comme le prolongement naturel des transformations morphologiques ensemblistes comme le squelette par zones d'influence, et surtout lorsqu'on utilise le concept sur des images à teintes de gris.

i. Définition de la LPE.

La ligne de partage des eaux utilise la description des images en termes géographiques, une image est représentée par une fonction numérique f , donc elle est perçue comme un relief si l'on associe le niveau de gris de chaque point à une altitude (voir la Figure II.16). La notion de LPE est étroitement liée à celle du minimum local.



(a) Image à teintes de gris



(b) Représentation topologique de l'image

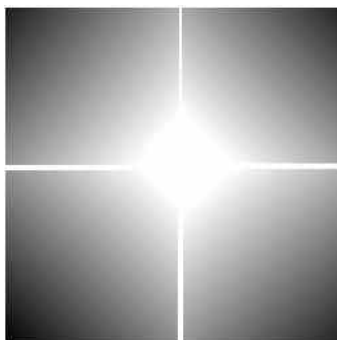
Figure II.16 - Le concept de la représentation topologique [65].

Un minimum local: est un ensemble connexe de pixels d'altitude constante tel qu'il n'est pas possible, partant de cet ensemble, de rejoindre un point de la surface d'altitude inférieure sans avoir à grimper.

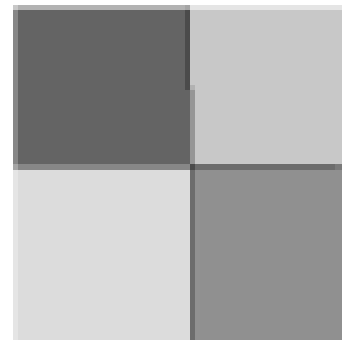
Une manière de déterminer les minima locaux d'une image peut consister en l'expérience suivante : Considérons le relief sous un nuage de pluie. Une goutte d'eau tombant en un point x va couler le long du relief et va finalement rejoindre le fond d'une vallée : un minimum local. Soit M un minimum local de l'image. Si une goutte d'eau tombant en x rejoint finalement M , alors x appartient au bassin versant de M .

Bassin versant : Soit M un minimum local d'une image numérique f . Le bassin versant associé à M (noté $BV(M)$) est l'ensemble des pixels x tels qu'une goutte d'eau tombant en x rejoint finalement M .

La notion de bassin versant permet d'associer à chaque minimum local une portion de l'image: la vallée qui lui correspond. L'ensemble des bassins versants associés à chaque minimum local de l'image définit une partition de l'image (voir Figure II.17).



(a) Image à teintes de gris



(b) Les bassins versants (en différentes teintes gris) et la LPE (en noir)

Figure II.17 - La partition d'une image en NG obtenue par LPE [30].

Ligne de partage des eaux : L'ensemble des points de séparations de deux bassins versants adjacents forme la ligne de partage des eaux (de cette ligne, une goutte d'eau peut s'écouler vers au moins 2 minima locaux distincts) [82].

La Figure II.18 montre la distribution d'une fonction en : vallées, bassins versants, minima locaux et LPE.

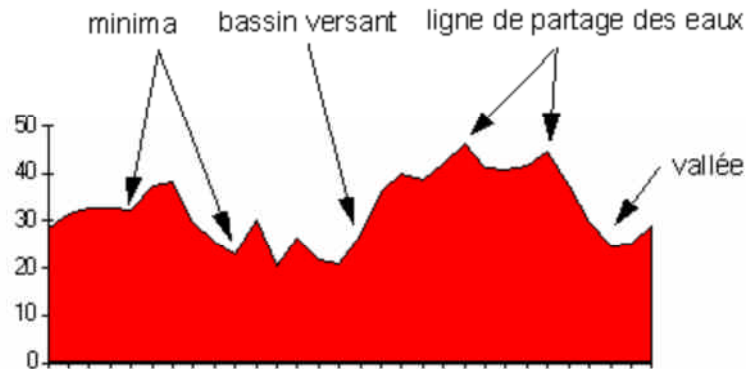


Figure II.18 - Bassins, minima, LPE [29].

ii. Principe de calcul de la LPE.

On utilise généralement pour décrire cet algorithme les processus d'inondation, une description particulière de l'image vue comme un relief topographique où les structures claires sont les pics du relief et les structures sombres correspondent aux vallées du relief (Figure II.16).

On imagine que cette surface topographique soit trouée aux emplacements des minima. Plongeons alors lentement cette surface dans un lac (étendue d'eau supposée infinie pour la commodité de l'expérience) (Figure II.19). L'eau va passer par les trous, en commençant les minima les plus profonds, et l'on suppose que pour chaque minimum source, l'eau se teinte d'une couleur donnée (le label du minimum). Chaque minimum donne naissance à un lac de plus en plus étendu à mesure que le niveau d'eau augmente et va progressivement inonder les reliefs.

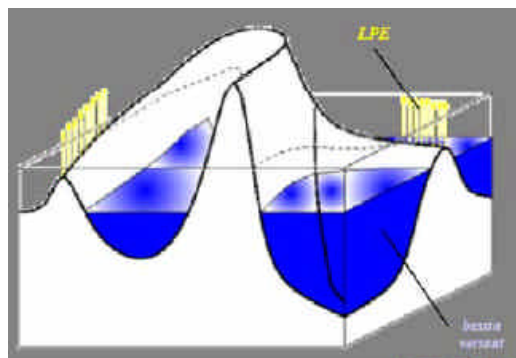


Figure II.19 - Principe d'inondation du relief [65].

A tout moment de l'inondation, les différents lacs délimités sur la topographie seront à la même altitude, supposons de plus que l'on empêche les eaux provenant des lacs différents (donc de minima différents), de se mélanger, en construisant sur la surface topographique un barrage toutes les fois où une telle éventualité pourrait se produire (**Erreur ! Source du renvoi introuvable.**).

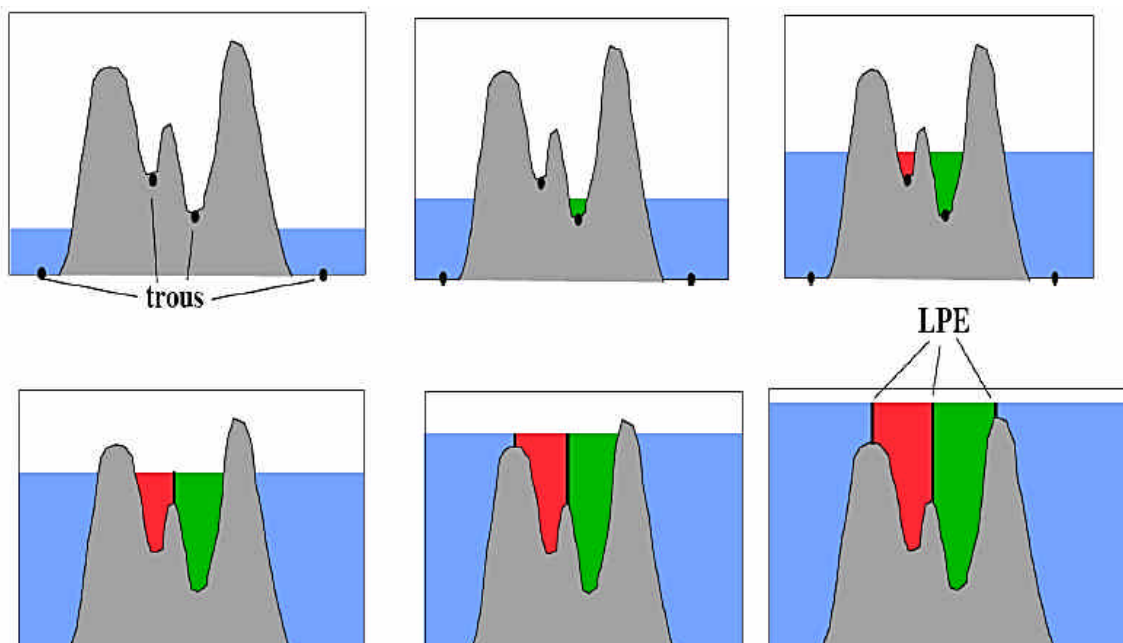


Figure II.20 - Inondation et barrages [65].

Lorsque la totalité de la surface topographique aura été engloutie, seuls les barrages émergeront, délimitant les lacs en nombre égal au nombre de minima de la fonction f . Ces barrages constituent la ligne de partage des eaux.

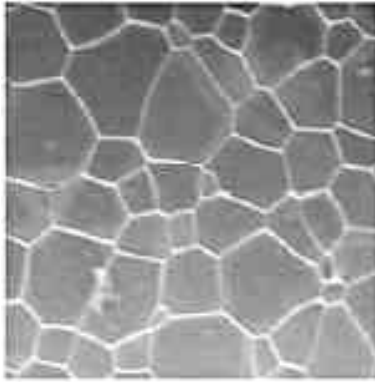
La définition algorithmique de la LPE en termes d'inondation se transpose en une définition mathématique plus rigoureuse impliquant des outils de morphologie mathématique. Il y a plusieurs manières d'implémenter le principe de la LPE. Certains algorithmes ne simulent pas le principe de l'immersion mais trouvent directement les lignes de partage des eaux. Comme exemple d'algorithme d'inondation nous citons celui de VINCENT-SOILE [83]. Cet algorithme est basé sur la reconstruction des seuils successifs d'une fonction f à l'aide du squelette par zone d'influence géodésique. (Pour plus d'informations sur cet algorithme, référez-vous au document de VINCENT et SOILE [83]).

Dans la Figure II.17, nous voyons un exemple pour la partition d'une image à teintes de gris qui est obtenue par la ligne de partage des eaux pour une image synthétique. La LPE suit la ligne de crêtes dans l'image.

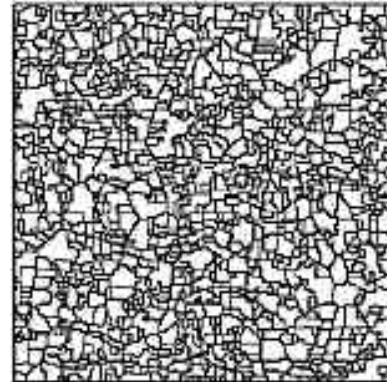
Bien-sûr, dans les images réelles, la segmentation avec la ligne de partage des eaux n'est pas aussi simple que dans cet exemple : les objets dans des images ne correspondent à des

lignes de crête que dans des cas particuliers. C'est pour cela que la LPE s'applique dans la plupart des cas sur le gradient d'une image et non pas sur l'image elle-même.

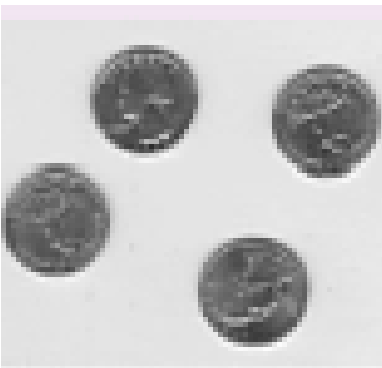
Un deuxième problème de cette méthode (comme beaucoup d'autres méthodes de segmentation) est la sur-segmentation : comme nous obtenons un bassin versant, par minimum, et comme dans une image réelle, il existe normalement beaucoup de minima parasites, nous obtenons trop de régions (voir **Erreur ! Source du renvoi introuvable.**). Ce problème, peut être résolu en imposant des marqueurs.



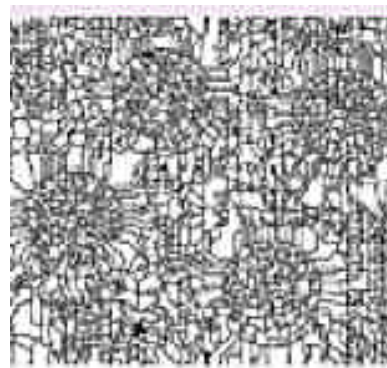
(a) Image originale



(b) Segmentation par LPE



(c) Image originale



(d) Segmentation par LPE

Figure II.21 - Exemples de la sur-segmentation par la LPE.

iii. La LPE contrôlée par marqueurs.

L'idée de l'utilisation de marqueurs est de réduire le nombre de minima à partir desquels l'image est inondée. Supposons que nous disposons d'une image marqueur m qui vaut 0 pour toutes les régions marquées et t_{max} pour tout le reste. La LPE calculée sur la reconstruction par érosion de l'image marqueur sur l'image originale donne un résultat plus pertinent que celui obtenu par la LPE sur l'image originale :

$$LPE_m(f) = LPE(R_f^*(m \vee f)) \quad (II.43)$$

L'image reconstruite $R_f^*(m \vee f)$ ne contient que les minima qui se trouvent dans les régions marquées (voir Figure II.22). Le problème principal dans la segmentation à l'aide de la LPE, est de trouver un marqueur pertinent.

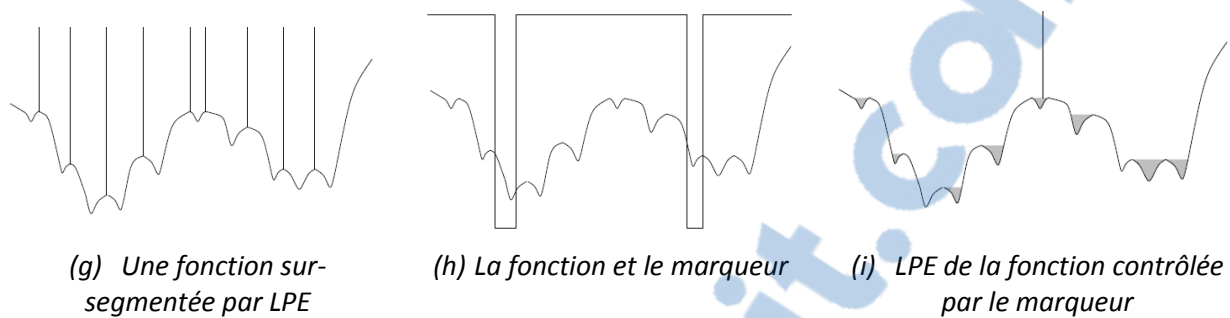


Figure II.22 - Contrôle de la LPE par image marqueur [30].

Comme le gradient morphologique possède de fortes valeurs au niveau du contour des objets, il peut donc être utilisé comme marqueur dans la segmentation par LPE (Figure II.23).

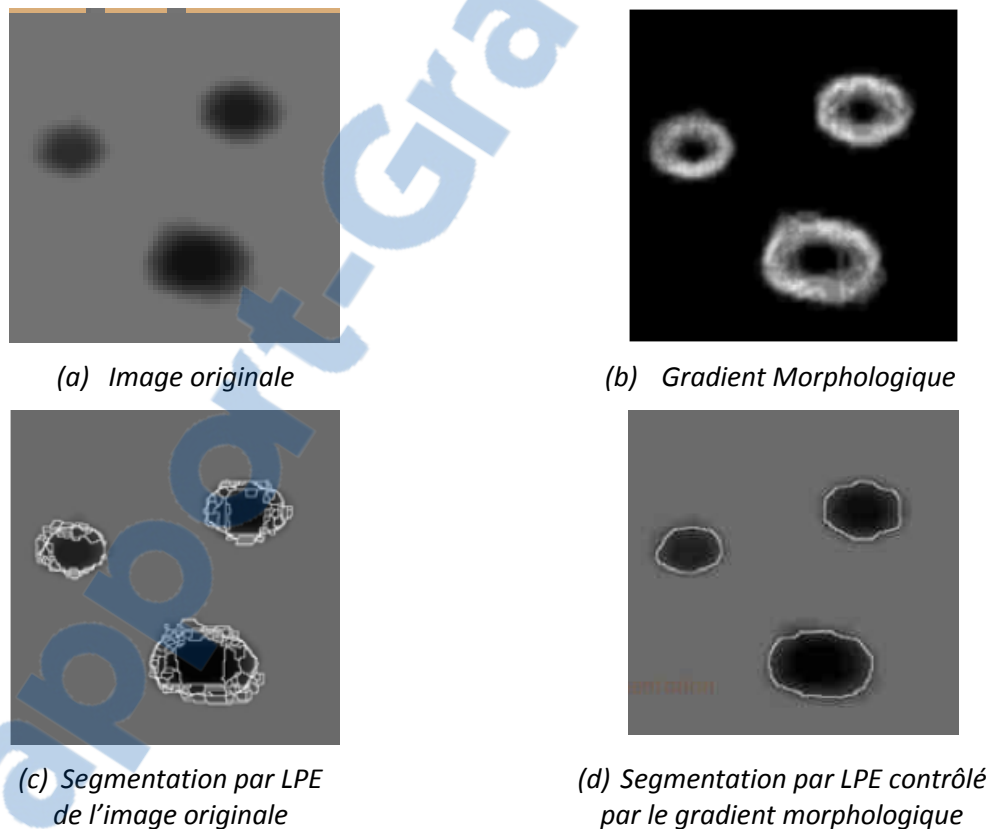


Figure II.23 - Exemple d'utilisation du gradient morphologique comme marqueur pour la LPE [65].

Ou bien, comme dans notre application dans le chapitre 4, nous pouvons utiliser comme marqueur l'image obtenue par l'opérateur morphologique que nous avons défini précédemment dans ce chapitre : la fonction de distance (Figure II.24 (b)).

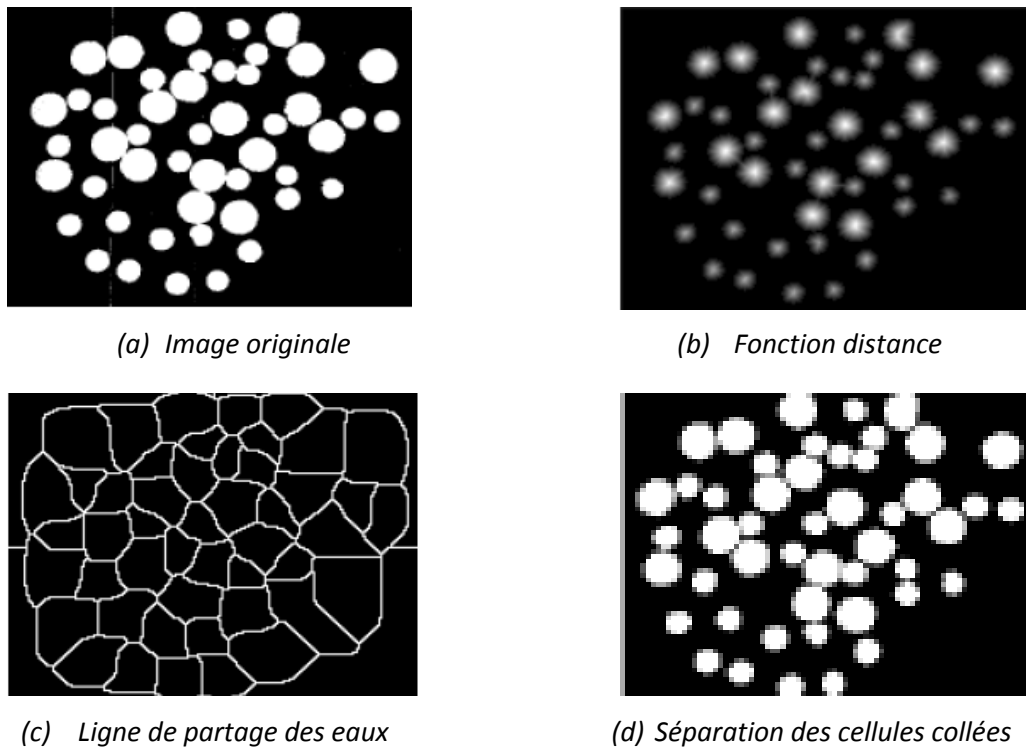


Figure II.24 - Exemple d'utilisation de la fonction distance comme marqueur pour la LPE [65].

Nous pouvons aussi, utiliser une combinaison des deux derniers marqueurs comme marqueurs interne et externe (Figure II.25).

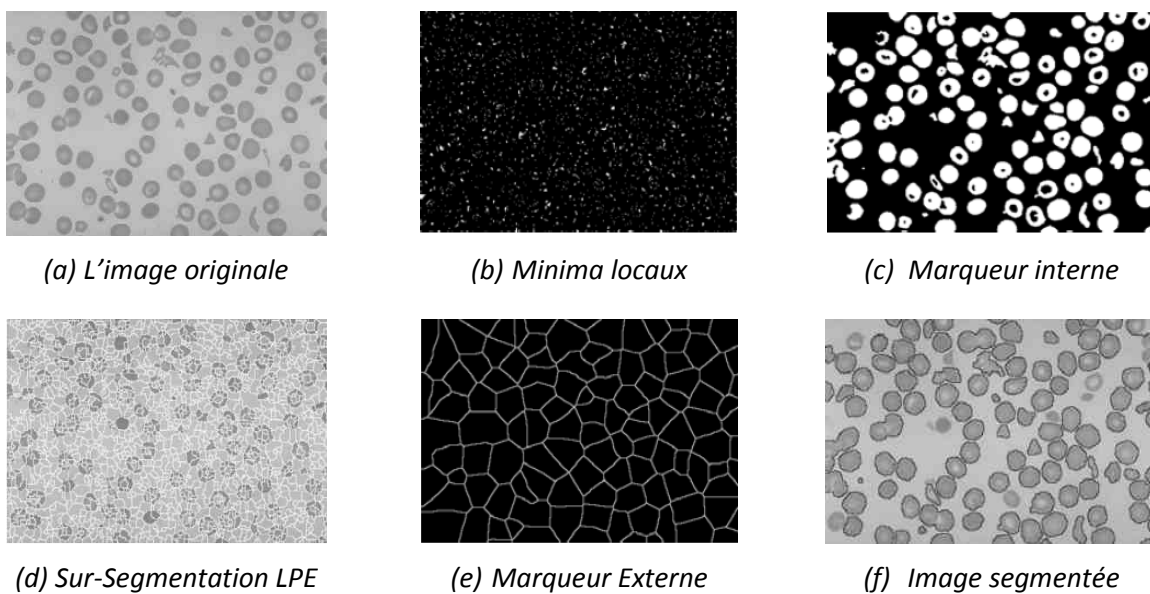


Figure II.25 - Exemple d'utilisation de marqueurs interne et externe pour la LPE [65].

III. Conclusion.

Dans ce deuxième chapitre, nous avons présenté les principes de base de la morphologie mathématique. Cette technique offre un grand nombre d'outils très puissants de traitement et d'analyse d'images, que l'on retrouve sous différentes rubriques dans certains logiciels d'analyse d'images et même de retouches d'images. Son but est l'étude des objets en fonction de leurs formes, de leurs tailles, des relations avec leurs voisinages (en particulier topologique), de leurs textures et de leurs niveaux de gris.

Dans une première section, nous avons introduit, d'une manière générale, la morphologie mathématique par ses notions de base. Après, nous avons défini et étudié les opérateurs morphologiques élémentaires à notre étude : Erosion, Dilatation et les opérateurs morphologiques composés : ouverture et fermeture, qui jouent le rôle d'un filtrage morphologique. Nous avons, ensuite présenté la transformation du chapeau haut forme la plus utilisée en analyse d'image pour localiser des structures dans l'image qui sont plus petites que l'élément structurant puis le gradient morphologique utilisé pour la détection des contours. Par la suite, nous avons décrit la notion du squelette qui permet de réduire l'épaisseur des composantes connexes jusqu'à une valeur infiniment petite.

Dans la dernière section, nous avons présenté le principe de la ligne de partage des eaux, un outil très puissant de segmentation en morphologie mathématique, il nous servira particulièrement dans le chapitre 4, pour l'extraction du réseau vasculaire et pour la détection du contour de la papille.

Il y a, évidemment, beaucoup à dire à propos de la technique de traitement d'images par morphologie mathématique. Mais les quelques pages de ce mémoire ne suffiront pas pour parler de tous les points. Nous avons, néanmoins, abordé la majeure partie des opérateurs utiles à notre travail. Nous avons, aussi, rédigé une section supplémentaire de ces opérateurs dans l'annexe A, à la fin de ce mémoire, pour un complément d'information.

Les outils définis, nous entamerons, à présent, la description des différentes étapes de notre système biométrique rétinien, en abordant la phase préliminaire dans le prochain chapitre, qui focalisera sur l'acquisition et le prétraitement des images rétiniennes.

Chapitre 3

Les images rétiniennes

Sommaire

I. Introduction.....	54
II. Etat de l'art.....	54
III. Images rétiniennes.....	56
a. Anatomie de la rétine.....	56
b. Acquisition et représentation des images.....	58
1. Capture des images rétiniennes.....	58
2. Représentation des images.....	61
IV. Amélioration des images.....	63
a. Algorithmes d'amélioration des images.....	63
b. Augmentation du contraste et correction de l'illumination.....	63
1. Augmentation du contraste par une transformation de teintes de gris.....	64
2. La correction d'illumination non-uniforme.....	67
V. Conclusion.....	72

Résumé

Ce chapitre va, tout d'abord, donner un aperçu global des différentes étapes d'un processus d'identification par la rétine. Ensuite, il va focaliser sur les images rétiniennes d'un individu. Nous verrons comment les images sont acquises et par la suite nous aborderons quelques notions, essentielles à notre travail, sur l'amélioration de ces images. Cette phase précède toute procédure d'identification, qu'elle soit une vérification ou une reconnaissance. Elle joue un rôle considérablement important dans notre système biométrique, car l'efficacité de ce dernier dépendra beaucoup de cette phase préliminaire.

I. Introduction.

Notre système d'identification biométrique est basé sur les caractéristiques de la rétine. En d'autres termes, pour générer une signature biométrique d'un individu, il faudrait extraire des informations anatomiques depuis l'image de sa rétine. Cela veut dire que la plate-forme du système devra d'abord être capable d'acquérir l'image rétinienne de cet individu.

Une fois ces images acquises, il est parfois nécessaire de passer par une étape de prétraitement afin d'améliorer la qualité de celle-ci avant de procéder à l'analyse. Différentes méthodes peuvent être utilisées dans le but de préparer les images pour les algorithmes automatiques d'extraction des caractéristiques de la rétine.

Nous allons, d'abord, citer quelques travaux de la littérature dans ce domaine. Ensuite, nous entamerons la description de cette phase préliminaire d'un système biométrique rétinale.

II. Etat de l'art.

Ce sont CARELTON S. ET AL. [25] qui eurent l'idée en 1936 d'utiliser la rétine à des fins d'identification après avoir vu une photographie des vaisseaux sanguins d'une rétine. Ils établirent que ces vaisseaux sont uniques pour chaque personne. Dans une étude sur les jumeaux identiques, DR TAWER P. confirma cette unicité vingt ans plus tard [11], [26]. DR J. MATTHERW et GREG H. deux experts mondiaux de la médecine et de la technologie optique déposèrent en 2002 un brevet concernant cette technologie [27]. Ils ont cherché comment ils pourraient rendre une telle technologie accessible et facile à utiliser. Ils ont développé le premier prototype de leur appareil photo optique qui peut scanner la rétine et en obtenir une image lisible. L'utilisation de la rétine comme moyen biométrique est donc assez ancienne.

Le concept d'un dispositif simple pour identifier les individus avec la RI (*Retinal Identification*) a été conçu en 1975. Aucune implémentation concrète n'a été réalisée durant plusieurs années. Le premier prototype de fonctionnement pratique de la RI a vu le jour en 1981. Un appareil-photo de RI utilisant une lumière infrarouge a été relié à un ordinateur de bureau pour analyser les formes d'onde de la lumière réfléchie. Plusieurs formes d'algorithmes d'extraction de caractéristiques ont été évaluées. Quatre ans d'amélioration ont mené au premier système de production RI établi par *EyeDentify*, Inc. (Portland). Ce système fut nommé *EyeDentification* 7.5 et a rempli les trois fonctions de base : l'enrôlement, la vérification et la reconnaissance [9].

ROBERT HILL ⁽¹⁾ présenta le premier système d'identification par la rétine en 1999 dans [9]. L'idée générale était de tirer profit des propriétés inhérentes de la structure du réseau vasculaire pour réaliser un système biométrique de haute sécurité. Le système consistait à acquérir les données de l'image rétinienne à l'aide d'un scanner en éclairant le fond de l'œil par un faisceau lumineux de faible intensité (inférieure à celle utilisée pour les examens médicaux). L'utilisateur devait fixer un petit point vert pendant quelques secondes.

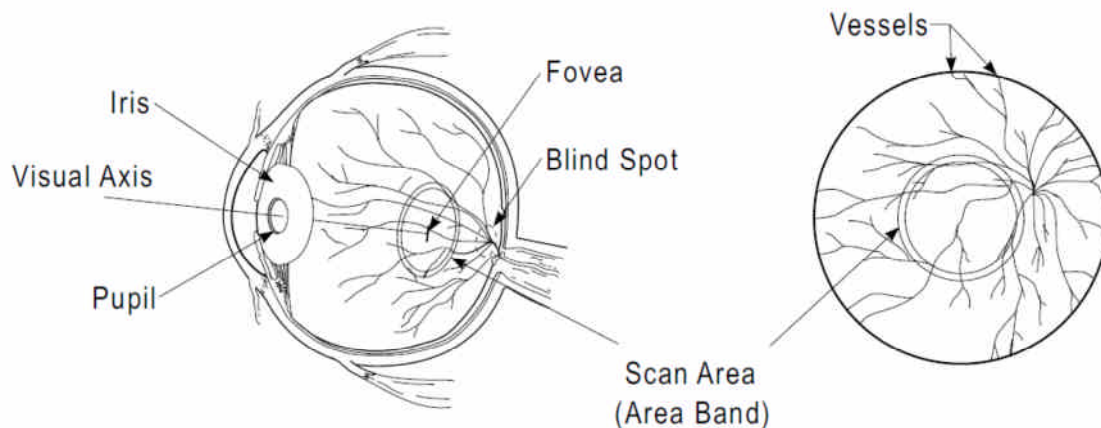


Figure II.1 - Illustration de la bande scannée dans le système de Robert Hill [9].

Le scanner capturait une région du réseau vasculaire similaire à celle utilisée dans le système de reconnaissance par l'iris, comme montrée dans la Figure II.1. Cette zone scannée est une bande circulaire autour des vaisseaux sanguins. Cette information de contraste de ce secteur est traitée par l'intermédiaire de la transformée de Fourier rapide (*Fast Fourier Transform*). Les données transformées forment le pattern biométrique rétinien à considérer dans ce système. Ce système fonctionnait bien lorsque l'environnement d'acquisition des images était bien contrôlé. Naturellement, c'est également la source des inconvénients principaux actuels dans le dispositif : le processus d'acquisition de données. Ce processus était lent et inconfortable pour l'utilisateur. D'ailleurs, le matériel était très cher et, en conséquence, il a rendu le système rarement utilisable. Finalement, en dépit de ses propriétés commodes, l'évolution de cette technique d'utilisation des patterns rétiniens comme caractéristique biométrique s'est vu considérablement ralentie.

La vascularisation de la rétine est une caractéristique biométrique. En effet, la grande variété de configurations des vaisseaux sanguins présente la même diversité que les empreintes digitales. L'aspect des vaisseaux peut être modifié par l'âge ou la maladie, mais

¹ Inventeur original de la technologie RI (*Retinal Identification*) et le fondateur d'*EyeDentify*, Inc. (1976). Bien qu'il ne possède ni actions ou ait un intérêt quelconque dans *EyeDentify*, il lui a servi comme conseiller à diverses reprises depuis 1987.

la position respective des vaisseaux, et plus particulièrement la position de l'intersection vasculaire et l'angle que fait chaque segment de vaisseau, reste inchangée durant toute la vie de l'individu. Et cette carte vasculaire est propre à chaque individu, différente même entre jumeaux [27].

La rétine vérifie donc les quatre conditions pour être qualifiée de biométrique. Elle est unique d'après les observations des ophtalmologistes, elle est universelle puisqu'elle existe chez toute personne, elle est accessible puisqu'on peut acquérir son image grâce à un scanner externe et elle est permanente puisque le réseau vasculaire ne change pas durant toute la vie. La biométrie par la rétine est une technologie très ancienne, elle est la plus fiable et la plus dure à contrefaire [28].

Cependant, cette technologie est très efficace mais assez contraignante pour les gens qui ont du mal à accepter de se faire examiner le fond d'œil tant que l'œil est un organe très sensible à la lumière. Ce procédé est donc invasif et difficile à mettre en œuvre. C'est ce qui explique la réticence de cette technologie.

III. Images rétinienne.

a. Anatomie de la rétine.

La rétine est une membrane nerveuse très sensible sur laquelle viennent se former les images. Elle tapisse la paroi interne du fond de l'œil et forme une mince surface d'environ 0,5 mm, couvrant environ 75 % du globe oculaire et on y recense plus de 130 millions de cellules nerveuses. Elle est responsable de la lumière en impulsions électriques transmises au cerveau par le nerf optique.

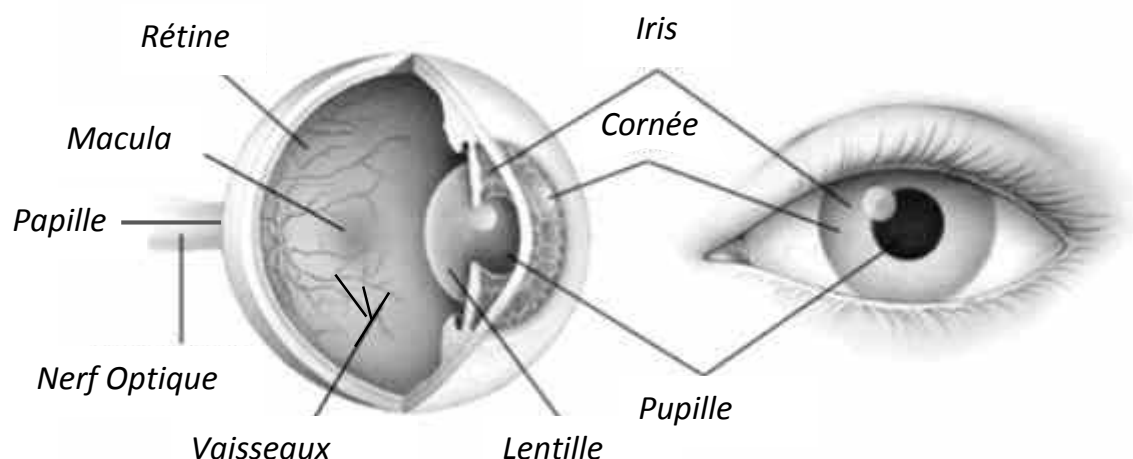


Figure III.1 - Illustration du fond d'œil [103].

La papille, la macula et l'arbre vasculaire sont les éléments principaux de la rétine, c'est-à-dire les éléments qui sont bien visibles et qui permettent de se repérer dans l'œil.

La papille (disque optique) : C'est l'entrée du nerf optique (le faisceau des fibres nerveux) et des vaisseaux sanguins dans l'œil. La papille se trouve du côté nasal de la macula, elle est caractérisée par des bords nets et une coloration jaune, elle est aussi appelée « la tache aveugle » (Figure III.1).

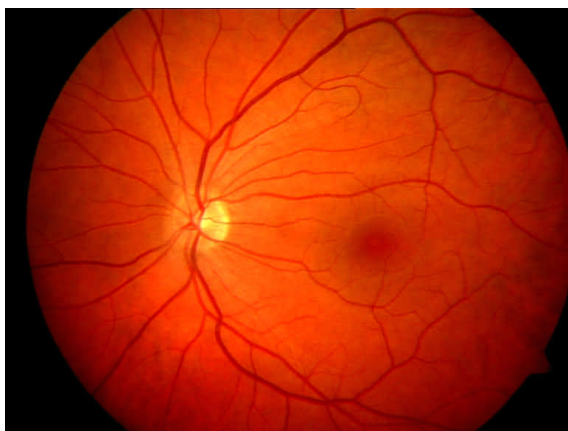
La macula : C'est le centre de la vision. Elle apparaît comme une tache plus sombre dans les images couleur du fond d'œil. Le centre de la macula est la fovéa qui se caractérise par l'absence des bâtonnets, une plus grande concentration de cônes, une dépression de la rétine et l'absence de vaisseaux rétinien. Elle est le centre focal de la vision en lumière du jour (Figure III.1).

La vascularisation: L'alimentation est réalisée par l'artère ophtalmique qui passe par le nerf optique et donne l'artère centrale de la rétine, qui se divise en deux branches pour se terminer par un réseau d'artérioles. Les artérioles se poursuivent en un réseau de capillaires très fins au niveau des cellules bipolaires. On en trouve partout hormis entre la papille et la macula (Figure III.1). La région maculaire est irriguée par les vaisseaux choroïdiens situés en arrière de la rétine. L'évacuation se fait par un réseau de veinules qui rejoignent les deux branches de la veine centrale de la rétine.

Il existe plusieurs anomalies qui peuvent affecter la rétine, les plus sévères et les plus répandues sont: La Rétinopathie Diabétique et la dégénérescence maculaire liée à l'âge (DMLA).

Les éléments qui permettent de distinguer entre deux rétines sont les veines qui les tapissent. La disposition de ces veines est stable et unique d'un individu à l'autre (même d'un œil à l'autre du même individu (voir Figure III.2)).

Les modèles qui en sont issus héritent de la stabilité de cette disposition



(a) L'image de l'œil gauche



(b) Image de l'œil droit (avec rotation de 180°)

Figure III.2 - Exemple d'images rétinienne droite et gauche d'un même individu [100].

De plus, pour un fraudeur, il est impossible de pouvoir reproduire ce motif, d'où un très haut niveau de sécurité.

Le réseau veineux rétinien est numérisé et cartographié sous forme de lignes et de points. On peut ainsi recenser jusqu'à 400 points caractéristiques (rappelons qu'une empreinte digitale n'en compte que 30 à 40).

b. Acquisition et représentation des images.

1. Capture des images rétinienne.

Bien qu'elle soit réputée d'être très fiable et difficile à falsifier, la rétine n'a pas connu un intérêt aussi important que les autres techniques biométriques, à cause de la difficulté d'acquisition de l'image du fond d'œil. Cependant, CARELTON SIMON et GREG HEACOK se sont intéressés à la biométrie par la rétine et avaient commercialisé en 2002 le premier prototype de leur appareil d'acquisition de la rétine [27].

De nos jours, les appareils d'acquisition d'image rétinienne connus sous le nom de rétino-graphes (voir Figure III.3), utilisés dans les examens médicaux de la rétine, sont capables de prendre une photographie instantanée de la zone de la rétine, dans un œil humain, sans aucun balayage intrusif ou dangereux.



Figure III.3 - Deux exemples d'appareil d'acquisition d'images rétinienne (rétinographie).

De même, des lecteurs de rétine sont de plus en plus disponibles, et permettent d'obtenir des images de très grande qualité (Figure III.4). Ils capturent l'image d'une rétine en éclairant le fond d'œil à l'aide d'un faisceau lumineux à travers la pupille et le corps vitreux. Ce faisceau est de très faible intensité pour ne pas gêner l'utilisateur ; il est sans danger et encore de plus faible intensité que sur les dispositifs ophtalmologiques. Un système de caméra très précis vient ensuite récupérer l'image de la rétine.



Figure III.4 - Exemples de lecteurs de rétine disponibles sur le marché (en 2011) [103].

Cette technologie réduit la perception du danger par l'utilisateur pendant le procédé d'acquisition de la rétine mais apporte également plus de liberté produisant un type plus hétérogène d'images rétiniennes. Les conditions d'éclairage et le mouvement de l'œil de l'utilisateur varient entre les acquisitions. Par conséquent, les systèmes précédents basés sur l'information de variation de contraste de secteurs réduits (ex : système de Robert Hill vu un peu plus haut dans ce chapitre), peuvent manquer de précision, dans certains cas, en augmentant le taux des faux rejets.

Les images utilisées, tout le long de notre travail de recherche, sont des images provenant d'une base de données à usage publique (voir [99] pour plus d'informations sur ce sujet). Le choix de la base d'images à utiliser s'est avéré complexe. Ceci est dû au fait que la majorité des bases publiques ont été construites pour des projets dans un contexte médical. Soit elles concernent des prises d'images de sujets pathologiques, soit la base ne contient qu'un seul échantillon par individu. Ceci dit, la seule base qui a semblé être la plus adaptée à nos besoins est la base ARIA [100].

Disponible à l'adresse : http://www.eyecharity.com/aria_online/, Analysis Retinal Image Archive est une base d'images de fonds d'œil, récoltée lors d'un projet de recherche unissant l'Unité St-Paul Eye, de l'Hôpital Universitaire Royal Trust de Liverpool, et le Département d'Ophtalmologie, Sciences Cliniques, Université de Liverpool, de la Grande-Bretagne. Elle se divise en trois ensembles d'images rétiniennes : le premier contient 92 images de sujets atteints d'une dégénération de la macula due à l'âge (AMD), un deuxième contient 59 images de sujets diabétiques et le dernier contient 61 images de sujets sains. Toutes les images du fond d'œil ont été acquises avec une caméra « Zeiss FF450+ fundus camera », avec un champ visuel de 50° d'angle, initialement enregistrées sous le format TIFF. Ensuite, les images ont été converties dans le format compressé JPG pour la mise en ligne sur le site d'ARIA. Les images sont représentées dans un espace couleur RVB (8-bits), et ont une résolution de 768x576. En plus des images complètes du fond d'œil, la base ARIA contient aussi deux images du réseau vasculaire (segmenté manuellement par deux experts

différents), et une image indiquant le contour de la papille et le centre de la macula, pour chaque image couleur de la base.

Un aperçu des images couleur de la base ARIA est montré dans la Figure III.5.

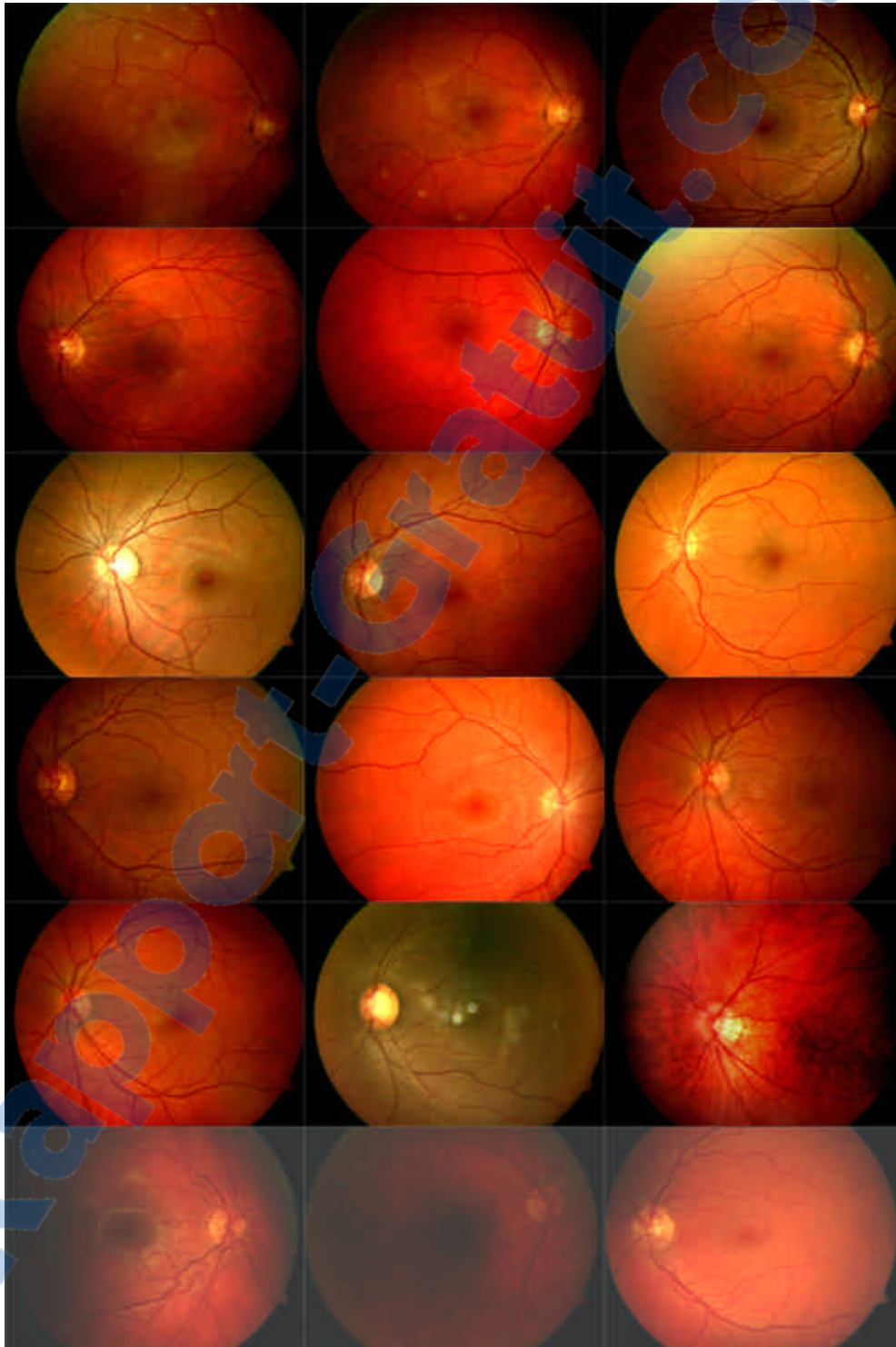
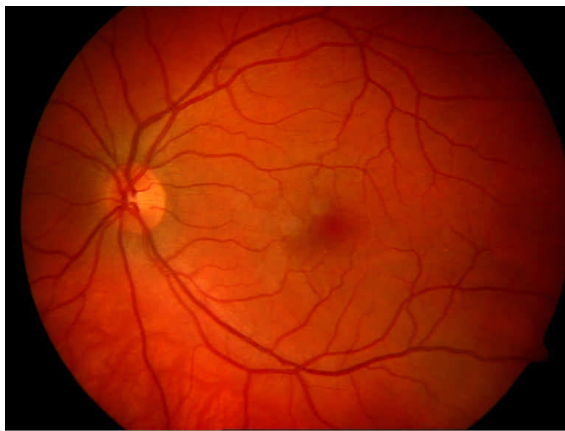


Figure III.5 - Echantillon de la base d'images ARIA [100].

Cependant, lors des opérations d'identification (avant d'entamer les procédures d'enrôlement, de vérification et/ou de reconnaissance), un prétraitement des images acquises s'impose afin de réduire les facteurs nuisant au processus de comparaison.

2. Représentation des images.

Après l'acquisition, nous allons nous intéresser dans cette deuxième partie du paragraphe à la représentation de ces images du fond d'œil. La première idée qui nous vient à l'esprit est la représentation de ces images couleur, obtenues depuis les lecteurs de rétines ou de rétinographes, en niveau de gris (NG), c'est-à-dire représenter les pixels en intensité lumineuse [31], dans le but d'augmenter le contraste et extraire le réseau vasculaire d'une manière efficace et fiable.



(a) L'image originale [100]



(b) L'image en Niveau de Gris (NG)

Figure III.6 - La transformation d'une image couleur en une image en niveau de gris.

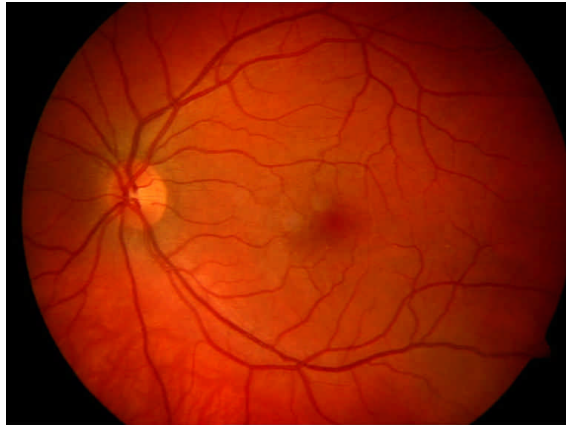
En observant l'image en niveau de gris dans la Figure III.6 (b), nous remarquons que le contraste n'est pas vraiment élevé (surtout autour des petits vaisseaux), ce qui peut poser des problèmes lors de l'extraction des caractéristiques :

- Dans les images en niveau de gris, la luminosité est très faible, alors les informations se mélangent, et on obtient beaucoup de faux positifs lors de la détection du réseau vasculaire.
- Les vaisseaux sanguins sont souvent corrompus par le bruit, ce qui rend l'extraction des bords des vaisseaux pénible.

Pour contrer ces problèmes, nous utilisons l'image couleur dans le système *RVB* (rouge, vert, bleu), où chaque canal permet l'extraction d'une information spécifique. La représentation d'une image couleur dans l'espace *RVB* permet d'étudier séparément les différents canaux de la réponse spectrale. (Pour plus d'information sur la représentation des images dans l'espace *RVB* voir l'annexe C).

Les trois canaux (rouge, vert et bleu) sont montrés dans la Figure III.7.

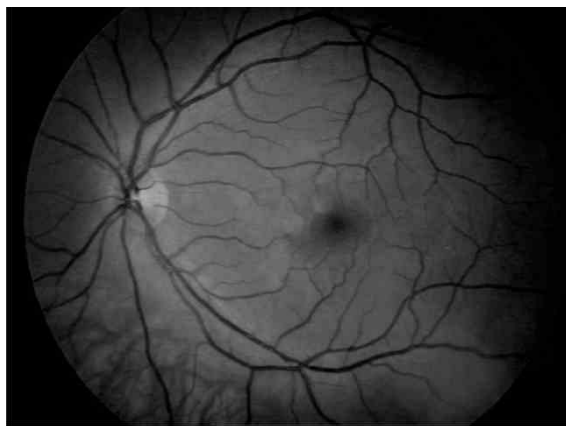
Si l'on regarde le canal rouge (Figure III.7 (b)), on voit des vaisseaux de la choroïde. Ils apparaissent très flous ; ils ne sont pas présents dans les autres canaux. De plus, on peut constater que les vaisseaux rétinien apparaissent comme les plus contrastés dans le canal vert (Figure III.7 (c)). Même comparé avec les canaux d'autres espaces couleur, c'est le canal vert qui donne le meilleur résultat au niveau du contraste des éléments sanguins. Le canal bleu contient très peu d'informations (Figure III.7 (d)), et de plus, il est très bruité. Les vaisseaux n'y sont presque pas présents, la papille et la macula sont vaguement visibles, et la dynamique est minimale.



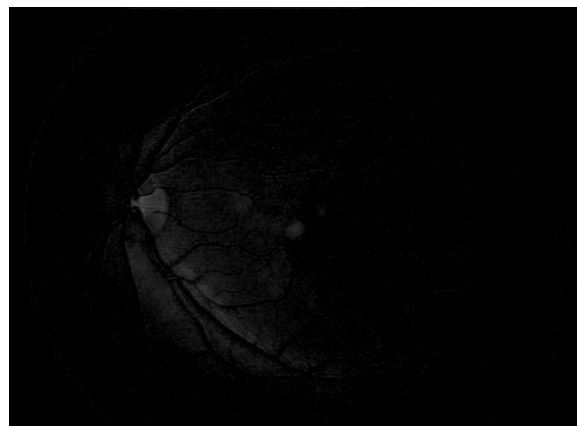
(a) L'image originale [100]



(b) Le canal rouge de l'image dans RVB



(c) Le canal vert de l'image dans RVB



(d) Le canal bleu de l'image dans RVB

Figure III.7 - Représentation de l'image couleur dans l'espace RVB.

Cette interprétation du contenu de couleur des images rétinien favorise le travail avec le canal vert de l'image pour l'extraction du réseau vasculaire car le vert était le canal le plus contrasté (au moins pour les éléments sanguins) et le moins bruité. On ne constate pas seulement que le réseau vasculaire apparaît plus contrasté dans ce canal, mais aussi que les vaisseaux de la choroïde n'y apparaissent pas. Les informations sur des couches différentes sont bien séparées, alors que si l'on considère la luminosité, les informations se mélangent, et on risque d'avoir plus de fausses détections.

IV. Amélioration des images.

L'amélioration est un domaine qui regroupe tout un ensemble d'opérations réalisées sur l'image rétinienne avec comme objectif général d'obtenir une image de meilleure qualité visuelle. En ce sens, il s'agit, la plupart du temps, d'améliorations subjectives puisqu'il est très difficile de définir de façon objective ce qu'est une image améliorée.

La prise des images rétiniennes est souvent influencée par des conditions de l'environnement. Les images sont souvent floues et peu contrastées, ceci peut être dû à un mouvement de la personne, un mauvais éclairage ou à une mauvaise mise au point de la caméra. Parfois les images sont surexposées et surtout, le canal rouge est souvent saturé.

Il existe plusieurs méthodes d'amélioration d'images rétiniennes, certaines sont adaptées à une lecture manuelle des images (examen ophtalmologique par un médecin), d'autres sont utilisées lors de l'interprétation automatique des images.

a. Algorithmes d'amélioration des images.

Deux algorithmes ont été présentés par T. WALTER dans sa thèse [30] pour améliorer la qualité des images et les rendre plus faciles à interpréter par les médecins (dans le cadre d'amélioration de l'image pour un diagnostic médical). Le premier algorithme applique une augmentation du contraste fondée sur une transformation par chapeau haut de forme. Le deuxième algorithme améliore les images de la rétine par normalisation des couleurs. La méthode consiste à modifier les canaux de l'image initiale de manière à ce qu'elle ait des caractéristiques semblables à celle de l'image de référence.

Un troisième algorithme concerne les améliorations apportées aux images en vue d'une interprétation automatique. Cet algorithme augmente le contraste et corrige l'illumination non-uniforme des images.

Dans son travail [29], A. FEROUÏ a présenté des techniques variées de traitement d'images qui permettent d'améliorer le contraste dans les images à niveau de gris. L'expansion de la dynamique, l'égalisation de l'histogramme, l'égalisation adaptative et bien d'autres techniques de traitement d'images existent dans la littérature et sont des outils très robustes qui donnent des résultats assez satisfaisants quant à l'amélioration des images peu contrastées. (Une description générale de ces techniques est présente dans l'annexe B).

Nous nous contenterons, naturellement, de présenter dans ce paragraphe uniquement le dernier algorithme dans [30] qui concerne notre cas d'interprétation, pour rester dans le cadre du sujet de notre recherche. (Cet algorithme a donné un résultat satisfaisant)

b. Augmentation du contraste et correction de l'illumination.

L'algorithme présenté dans [30] par T. Walter, vise à corriger l'illumination non uniforme d'une image tout en augmentant le contraste. Tout d'abord, l'auteur a décrit une méthode

d'augmentation de contraste, qui par l'introduction d'un paramètre local devient une correction d'illumination non uniforme.

La correction de l'illumination non uniforme a beaucoup d'importance pour l'analyse automatique. Combiner la correction de l'illumination non uniforme avec une augmentation de contraste est prometteur parce que la dynamique d'une image ayant une illumination non uniforme est déterminée par cette différence d'éclairage. Une fois l'illumination uniformisée, le contraste peut être augmenté facilement. [30]

1. Augmentation du contraste par une transformation de teintes de gris.

Le contraste d'une image est, entre autres, caractérisé par la distribution de valeurs de gris de l'image. Cette distribution peut être changée en appliquant une transformation de teintes de gris. (Voir aussi la Figure IV.1 (a))

DÉFINITION :

Soit $f : E \rightarrow T$ une image avec $T = \{t_{min}, \dots, t_{max}\} \subset \mathbb{R}$ un ensemble de nombres rationnels. Soit $U = \{u_{min}, \dots, u_{max}\} \subset \mathbb{R}$ un deuxième ensemble de nombre rationnels.

Une application $\Gamma : T \rightarrow U$

$$u = \Gamma(t)$$

s'appelle transformation de valeur de gris Γ .

La transformation est construite de manière à ce qu'elle assigne à la moyenne μ_f de l'image originale f le milieu entre u_{min} et u_{max} :

$$\mu_f \rightarrow \frac{1}{2} (u_{min} + u_{max}) \quad (IV.1)$$

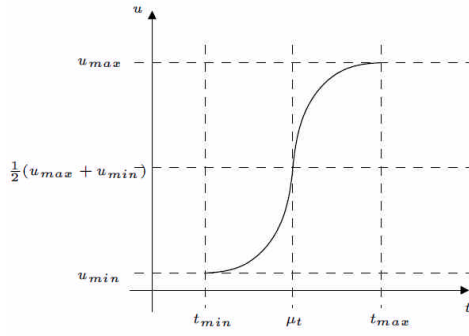
Cela n'est pas une nécessité, mais c'est un choix raisonnable.

Par simplicité, nous considérons par la suite les coordonnées transformées τ, v (voir Figure IV.1 (b)) avec :

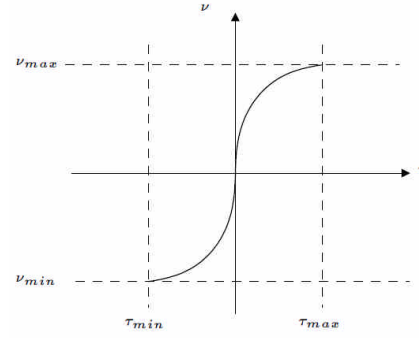
$$\begin{aligned} \tau &= t - \mu_t \\ v &= u - \frac{1}{2} (u_{min} + u_{max}) \end{aligned} \quad (IV.2)$$

L'auteur dans [30] a choisi pour Γ la famille des transformations polynomiales :

$$v = \Gamma^*(\tau) = \begin{cases} a_1 \cdot (\tau - \tau_{min})^r + b_1 & , \quad si \tau \leq 0 \\ a_2 \cdot (\tau - \tau_{min})^r + b_2 & , \quad si \tau > 0 \end{cases} \quad (IV.3)$$



(a) Le graphe de la transformation de teintes de gris



(b) Le graphe de la transformation de teintes de gris avec des coordonnées transformées.

Figure IV.1 - La modification de teinte de gris [30].

avec les paramètres r, a_1, a_2, b_1 et b_2 . Le paramètre r peut être librement choisi, les autres paramètres sont déterminés pour que la transformation remplisse certains critères : l'image résultante doit couvrir toute la dynamique possible (donc de u_{min} , u_{max}) et la transformation doit être continue.

Ces conditions s'expriment par :

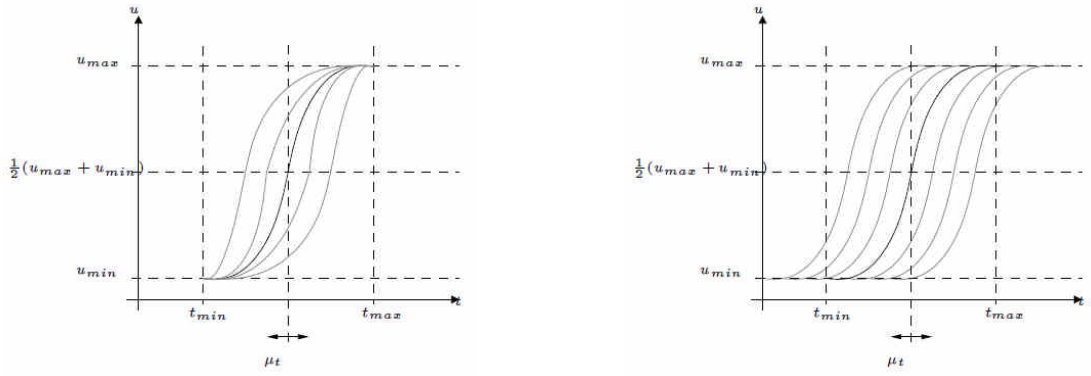
$$\begin{aligned}\Gamma^*(\tau_{min}) &= v_{min} \\ \lim_{\tau \rightarrow 0^-} \Gamma^*(\tau) &= 0 \\ \lim_{\tau \rightarrow 0^+} \Gamma^*(\tau) &= 0 \\ \Gamma^*(\tau_{max}) &= v_{max}\end{aligned}\tag{IV.4}$$

et avec (IV.3), nous obtenons pour les paramètres a_1, a_2, b_1 et b_2 :

$$\begin{aligned}a_1 &= \frac{-v_{min}}{(-\tau_{min})^r} = \frac{\frac{1}{2}(u_{max} - u_{min})}{(\mu_f - t_{min})^r} \\ a_2 &= \frac{-v_{max}}{(-\tau_{max})^r} = \frac{-\frac{1}{2}(u_{max} - u_{min})}{(\mu_f - t_{max})^r} \\ b_1 &= v_{min} = \frac{1}{2}(u_{min} - u_{max}) \\ b_2 &= v_{max} = \frac{1}{2}(u_{max} - u_{min})\end{aligned}\tag{IV.5}$$

et enfin, pour $u = \Gamma(t)$:

$$u = \Gamma(t) = \begin{cases} \frac{\frac{1}{2}(u_{max} - u_{min})}{(\mu_f - t_{min})^r} \cdot (t - t_{max})^r + u_{min} & , \text{ si } t \leq \mu_f \\ -\frac{\frac{1}{2}(u_{max} - u_{min})}{(\mu_f - t_{max})^r} \cdot (t - t_{max})^r + u_{max} & , \text{ si } t > \mu_f \end{cases}\tag{IV.6}$$



(a) Modification du graphe en fonction de μ_t en gardant les points extrêmes.

(b) Translation du graphe dépendant de μ_t .

Figure IV.2 - Les modifications du graphe en fonction de μ_t [30].

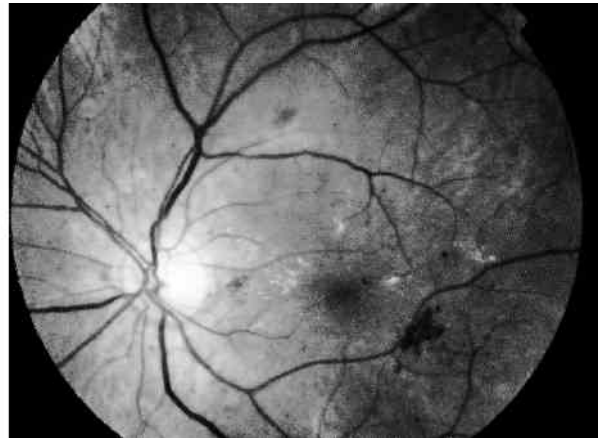
Le graphe correspondant à cet algorithme est montré dans la Figure IV.2. (a) La transformation résultante n'est pas symétrique vis-à-vis du point $(\mu_t, \frac{1}{2}(u_{max} + u_{min}))$.

Pour obtenir une transformation symétrique, la même équation (IV.6) peut être utilisée, μ_f doit être remplacé par $\frac{1}{2}(t_{max} + t_{min})$ et t par $t' = t + (\frac{1}{2}(t_{max} + t_{min}) - \mu_f)$. Cette deuxième version de la transformation de valeur de gris (voir la Figure IV.2. (a)) a l'avantage d'être symétrique, mais elle n'utilise pas toute la dynamique possible.

L'un des deux inconvénients doit être accepté (à condition que $\Gamma(\mu_f) = \frac{1}{2}(u_{max} + u_{min})$). La condition de symétrie n'est pas vraiment essentielle et peut même être défavorable. En effet, si la moyenne de f dans une certaine région est relativement basse, la dynamique pour les valeurs de gris basses est forcément petite, et on a intérêt à donner plus de poids à l'augmentation de contraste pour cette partie des valeurs de gris.



(a) L'image originale



(b) Le résultat pour $r = 5$

Figure IV.3 - L'augmentation globale de contraste [30].

Le paramètre r sert à contrôler à quel point on augmente le contraste. Supposons que : $\mu_f = \frac{1}{2}(t_{max} + t_{min})$; pour $r = 1$, l'opérateur est l'étirement linéaire de l'histogramme.

Pour $r \rightarrow \infty$, l'opérateur peut être vu comme un seuillage avec le seuil μ_t . Pour r entre les deux, on obtient des augmentations de contraste plus ou moins fortes.

Les résultats obtenus en appliquant cet opérateur à l'image entière sont montrés dans la Figure IV.3. La dynamique est augmentée, mais le résultat n'est quand même pas satisfaisant : le contraste des vaisseaux près de la papille ou dans des régions sombres (au bord de l'image) est plutôt affaibli par rapport à l'image d'origine. Le problème est l'application d'une seule transformation pour tous les pixels indépendamment de l'illumination de la partie de l'image où ils se trouvent. Ainsi les vaisseaux qui sortent de la papille ont un contraste très élevé par rapport à l'entourage, mais ils sont nettement moins sombres que les vaisseaux au bord de l'image ; il peut même arriver qu'ils aient des valeurs de gris plus élevées que la moyenne μ_f . A ce moment, leur valeur de gris n'est pas diminuée par la transformation, mais augmentée, ce qui diminue le contraste. Un autre effet peut être observé dans des régions sombres qui contiennent des détails encore plus sombres (par exemple les vaisseaux au bord de l'image) : La transformation proposée n'augmente le contraste que pour les $t \in T$ avec $\frac{\partial u}{\partial t} > 1$ (donc pas pour des t qui sont beaucoup plus grands ou beaucoup plus petits que μ_f). En raison de non-uniformité de l'éclairage, le contraste des détails sombres dans des régions sombres n'est pas augmenté, mais au contraire diminué.

Ce problème peut être résolu en introduisant un caractère local à la fonction comme expliqué dans le paragraphe suivant.

2. La correction d'illumination non-uniforme.

i. Les opérateurs de correction d'illumination non-uniforme.

La géométrie de l'œil et les méthodes d'illumination entraînent de manière systématique une non-uniformité de l'éclairage de la rétine. Cette non-uniformité n'a pas de conséquences, en général, pour l'analyse manuelle des images de la rétine. Par contre, elle pose de graves problèmes pour l'analyse automatique car les structures de la rétine ne peuvent pas être caractérisées par leur niveau de gris ou leur couleur.

Des opérateurs de correction de l'illumination calculent les différences entre la valeur de gris du pixel donné par rapport à une image qui est une approximation du fond, donc des variations lentes de valeurs de gris.

Soit f la fonction, $A(f)$ l'approximation du fond et c une constante (pour éviter des valeurs négatives). L'opérateur de correction d'illumination $CI(f)$ s'écrit de la manière suivante :

$$[CI(f)](x) = f(x) - [A(f)](x) + c \quad (IV.7)$$

C'est à dire, dans l'image corrigée, les valeurs de gris ne dépendent que de la différence entre la valeur originale et une approximation de la valeur de gris du fond. Les méthodes diffèrent par rapport au calcul de l'approximation du fond : on peut calculer la moyenne de l'image en utilisant une grande fenêtre que l'on déplace sur l'image, ou bien le médian, une ouverture, une fermeture ou un filtre alterné séquentiel, ou bien d'autres filtres qui enlèvent tous les détails d'intérêts.

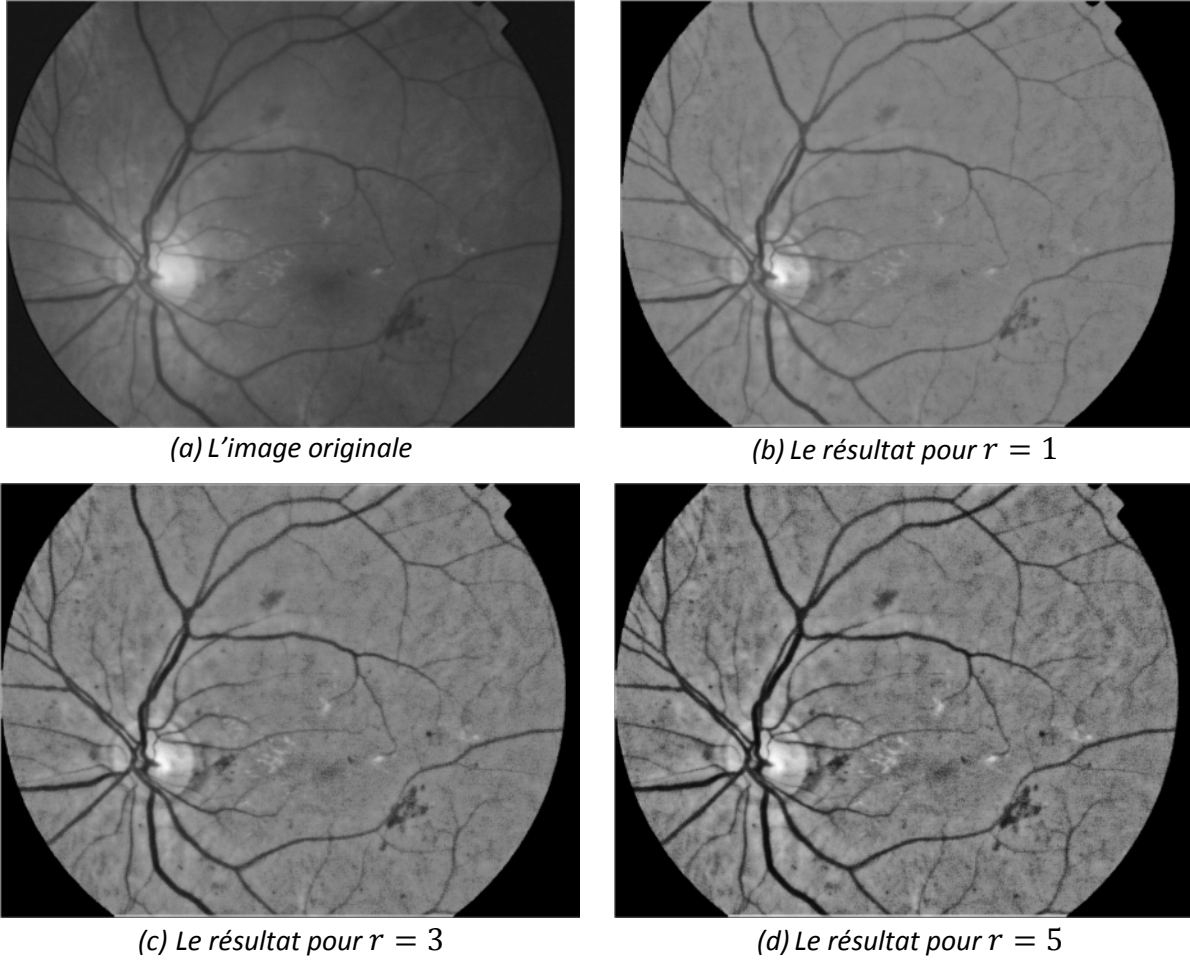


Figure IV.4 - L'augmentation locale de contraste [30].

ii. L'opérateur proposé dans [30].

Pour obtenir un opérateur de correction de changement d'illumination à partir de l'opérateur d'augmentation de contraste proposé dans la section IV.b.1 ci-dessus, il suffit de remplacer la moyenne μ_f de l'image entière par la moyenne $\mu_f^W(x)$ dans une fenêtre $W(x) \subset E$ centrée sur le point x et contenant N_W pixels :

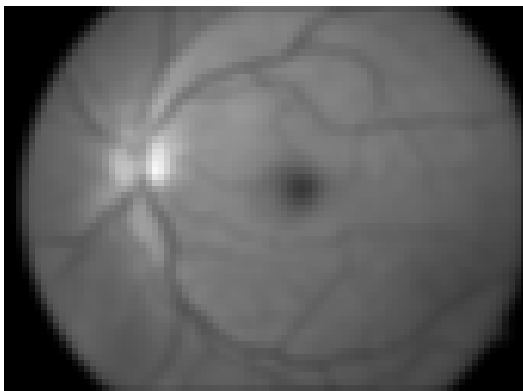
$$\mu_f^W(x) = \frac{1}{N_W} \sum_{\xi \in W(x)} f(\xi) \quad (\text{IV.8})$$

De cette manière, un opérateur de contraste est obtenu, pour lequel les paramètres de la transformation de valeur de gris sont calculés en fonction de la moyenne de l'image dans un environnement d'une certaine taille. Il s'agit à la fois d'un algorithme d'augmentation de contraste et de correction d'illumination non-uniforme, puisque le résultat ne dépend que de la différence entre $f(x)$ et la moyenne locale (donc l'approximation du fond), et non pas de la valeur de gris absolue. Le résultat de cet opérateur est montré dans la Figure IV.4.

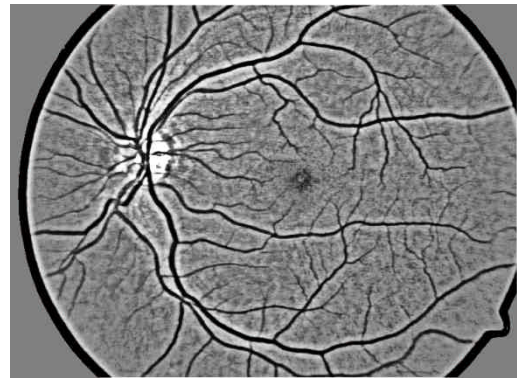
La taille de la fenêtre W a beaucoup d'influence sur les structures qui restent dans l'image : seules des structures qui sont plus petites que la taille de la fenêtre comme les vaisseaux, les hémorragies, les micro-anévrismes et les exsudats par exemple, sont visibles dans l'image résultante. Par exemple dans les figures Figure IV.4 (c et d), la macula n'est presque pas visible, car elle correspond à un changement de valeur de gris trop « lent » (identique à la variation du fond). Pour l'extraire, la taille de la fenêtre doit être plus grande.

En pratique, la moyenne dans une grande fenêtre n'est pas calculée pour chacun des pixels parce que cela serait trop coûteux en termes de temps de calcul. En effet, il suffit de calculer la moyenne pour un sous-échantillonnage de l'image et d'estimer la moyenne pour le reste des pixels par une simple interpolation.

Dans son travail de recherche [29], A. FEROUÏ affirma qu'après plusieurs essais, les meilleurs résultats avaient été obtenus pour une fenêtre de taille $W = 21$. (Voir Figure IV.5)



(a) Approximation du fond de l'image du canal vert



(b) Le résultat pour l'opérateur de l'illumination de l'image d'approximation du fond

Figure IV.5 - Le problème de bords lors de la correction de l'illumination non uniforme.

Par contre, cette méthode montre un problème qui existe en général dans beaucoup de méthodes d'uniformisation d'illumination : en calculant l'approximation du fond (l'image originale dans laquelle tous les détails d'importance sont enlevés), les bords des objets, qui ne sont pas entièrement enlevés, sont modifiés (voir la Figure IV.5). Considérons par exemple des régions claires qui subissent un lissage. Elles sont « étendues » par le filtrage ; en calculant la différence entre l'approximation (l'image lissée) et l'image originale, on assigne aux pixels proches de l'objet une valeur de gris trop basse. Par conséquent, des « trous » sont introduits ; ce sont des régions sombres, qui n'ont pas de correspondance

dans l'image originale. Dans les images rétiniennes, cela arrive surtout au niveau de la papille et des exsudats.

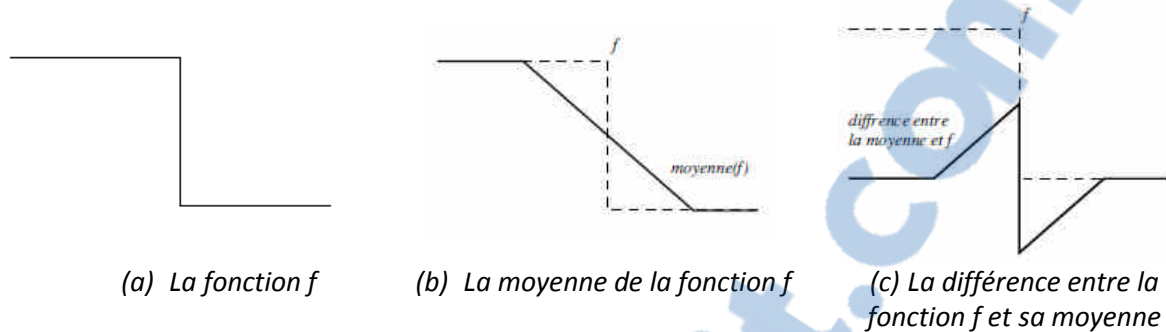
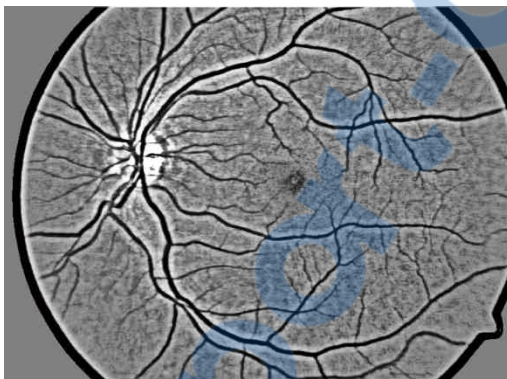
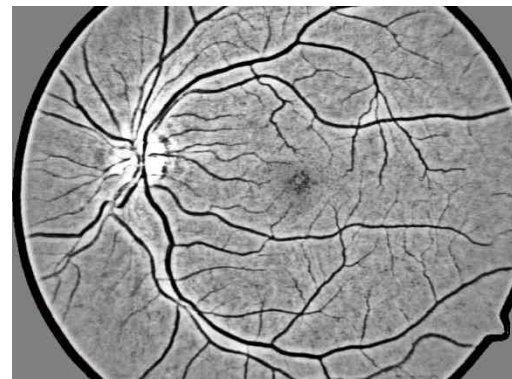


Figure IV.6 - Le problème de bord de la correction de l'illumination non-uniforme dans [30].

Pour éviter ce phénomène lors de la détection du réseau vasculaire, T. WALTER [30] et A. FEROUÏ [29] ont proposé de filtrer l'image originale avant de calculer l'approximation, en effectuant une ouverture par diamètre ($\gamma_{\lambda}^0 = 24$ dans [29]) pour enlever tous les objets clairs ayant un diamètre plus petit que λ . Cela a deux conséquences avantageuses : les effets de bords sont évités et des objets clairs de surface plus grande que la fenêtre W et relativement homogènes restent dans l'image (Figure IV.7 (b)).



(a) Le résultat de l'opérateur de correction de l'illumination sans filtrage de l'image d'approximation du fond



(b) Le résultat de l'opérateur de correction de l'illumination avec filtrage de l'image d'approximation du fond

Figure IV.7 - L'effet de filtrage de l'image d'approximation du fond.

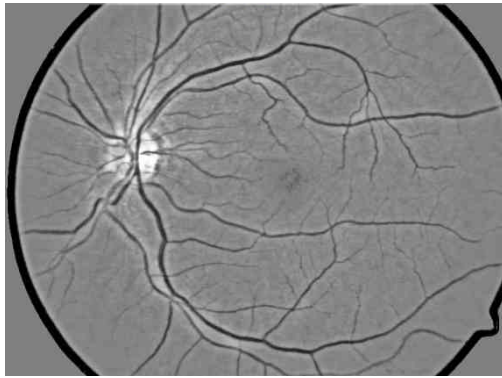
Après l'application de l'opérateur sans filtrage (Figure IV.7(a)), les pixels en proximité de la papille sont plus sombres, leur teinte de gris s'approche de celle des vaisseaux, cela introduit de fausses détections lors de l'extraction de l'arbre vasculaire. Par contre, cet effet est considérablement réduit après le filtrage de l'approximation du fond (Figure IV.7(b)).

L'opérateur bâti à partir de l'équation (IV.6) s'écrit de la manière suivante :

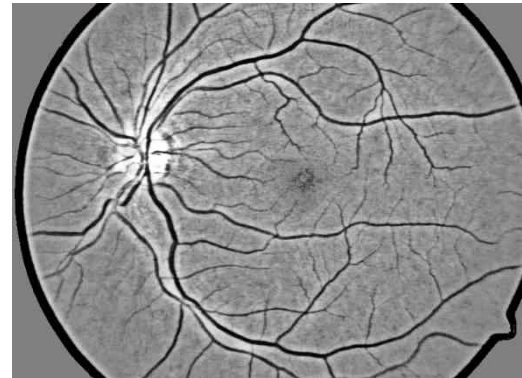
$$u = \Gamma(\tau) = \begin{cases} \frac{\frac{1}{2}(u_{max} - u_{min})}{(\mu_{\gamma_\lambda^O}^W(x) - \tau_{min})^r} \cdot (t - t_{max})^r + u_{min} & , \text{ si } t \leq \mu_{\gamma_\lambda^O}^W(x) \\ -\frac{\frac{1}{2}(u_{max} - u_{min})}{(\mu_{\gamma_\lambda^O}^W(x) - \tau_{max})^r} \cdot (t - t_{max})^r + u_{max} & , \text{ si } t > \mu_{\gamma_\lambda^O}^W(x) \end{cases} \quad (IV.9)$$

Dans cette expression $\mu_{\gamma_\lambda^O}^W(x)$ désigne la moyenne de la fenêtre W centrée en x de l'image ouverte par un diamètre $\gamma_\lambda^O(f)$.

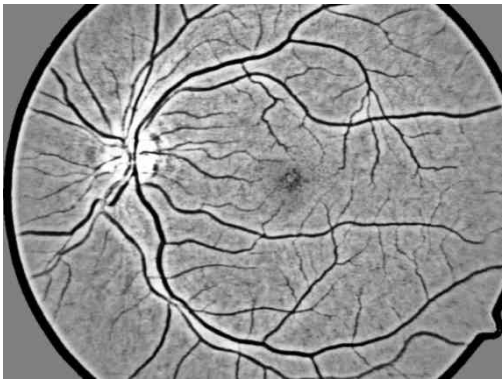
L'application de cet opérateur est illustrée par la Figure IV.8.



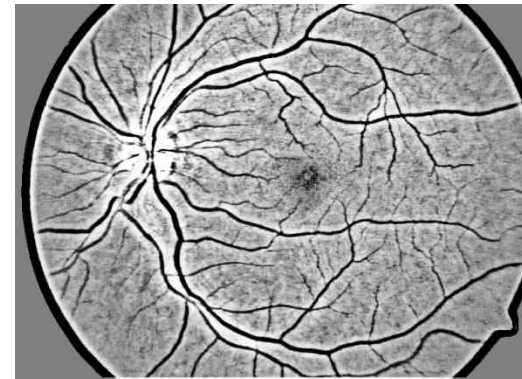
(a) L'éclairage pour $r = 2$



(b) L'éclairage pour $r = 5$



(c) L'éclairage pour $r = 8$



(d) L'éclairage pour $r = 13$

Figure IV.8 - La correction de l'éclairage non uniforme.

Dans la Figure IV.8 (d), on constate que l'éclairage et le contraste des petits vaisseaux sont augmentés par rapport aux Figure IV.8 (a, b et c). L'augmentation de contraste et la correction de l'illumination sont deux paramètres à prendre en considération lors d'amélioration des images rétiniennes.

Cette méthode de correction de l'illumination non uniforme et d'augmentation de contraste est le premier pas vers une analyse automatique de l'image rétinienne. Elle va être utilisée par les algorithmes de détection du réseau vasculaire et des points de références qui feront l'objet du prochain chapitre.

V. Conclusion.

Dans ce chapitre, nous nous sommes intéressés à la phase initiale d'un système d'identification rétinale. Nous avons décrit les images rétinienne sur lesquelles notre algorithme d'identification va être appliqué.

Les méthodes d'acquisition des images rétinienne a été la cause principale de la réticence de cette technique biométrique. Mais, de nos jours, et au moment même où nous rédigeons ce mémoire, il existe plusieurs sites annonçant la mise en vente de nouveaux appareils de lecture de la rétine, peu onéreux et avec des nouvelles technologies ne présentant aucun contact direct avec l'œil humain, donc sans aucun danger pour les individus. De ce fait, cela s'avère être un très grand pas dans cette technologie qui va probablement pouvoir évoluer, à présent, puisqu'elle a pu se défaire de son caractère plutôt invasif.

Nous avons vu aussi, dans ce chapitre, qu'afin d'obtenir de bons résultats dans le processus d'identification, une étape d'amélioration des images rétinienne s'avère être nécessaire. D'abord nous avons abordé différentes représentations des images, et avons conclu que le canal vert d'une image couleur est la meilleure représentation. Elle contient le maximum d'informations et permet une extraction efficace des caractéristiques, surtout celles du réseau vasculaire.

Ensuite, nous avons présenté un opérateur qui corrige l'illumination non-uniforme en augmentant le contraste local de l'image. Cet algorithme évite l'introduction de faux détails sombres ou clairs qui sont typiques pour ce genre d'algorithmes.

A présent, nous disposons d'images prêtes à être utilisées par des algorithmes automatiques d'extraction des caractéristiques. Nous verrons dans le prochain chapitre comment, à partir de ces images, extraire les caractéristiques de la rétine, et générer une signature biométrique qui identifiera chaque individu d'une manière unique.

Chapitre 4

Extraction des caractéristiques

Sommaire

I. Introduction.....	74
II. Etat de l'art.....	75
III. Schéma de l'algorithme d'identification.....	76
IV. Extraction des caractéristiques.....	77
a. Le réseau vasculaire.....	77
1. Etat de l'art.....	77
2. Algorithme de l'extraction.....	79
b. Les points de bifurcation.....	85
1. Etat de l'art.....	87
2. Algorithme de l'extraction.....	87
c. Les points de référence.....	90
1. Le disque optique (papille).....	90
2. Le centre de la macula.....	97
V. Génération de la signature.....	103
VI. Conclusion.....	104

Résumé

Il décrit la première partie de notre travail. C'est un chapitre élémentaire car il détaillera les différentes étapes par lesquelles nous sommes passés afin d'établir une signature biométrique depuis une image rétinienne. Il traitera le processus extraction des caractéristiques : le réseau vasculaire, les points de référence, les points de bifurcation... qui vont servir pour la génération de la matrice de l'identité biométrique et finalement à la reconnaissance des individus.

I. Introduction.

Après avoir vu comment acquérir et améliorer les images rétinienne par un algorithme automatique, ce chapitre va nous permettre d'étudier les procédés d'extraction des caractéristiques. C'est le noyau de notre sujet de recherche. L'élément principal qui servira à distinguer entre deux images de rétines dans un système d'identification est le réseau vasculaire.

La prise de conscience de l'unicité du modèle du réseau vasculaire remonte aux années 30, quand les deux ophtalmologistes, DR. CARLETON SIMON et DR. ISODORE GOLDSTEIN, étudiaient les maladies de l'œil en 1935 et avaient réalisé que chaque œil avait son unique pattern de vascularisation sanguine. Ils ont publié, une année plus tard, un article sur l'utilisation des photographies de la rétine pour identifier des personnes, en se basant sur le pattern de leur réseau vasculaire [10]. Plus tard, dans les années 50, leur conclusion fut confirmée par le DR. PAUL TOWER, au cours de son étude des parfaits jumeaux. Il nota que, pour un ensemble de paires de personnes, les jumeaux identiques sont les plus susceptibles d'avoir des réseaux vasculaires semblables. Or, TOWER avait prouvé que, parmi toutes les caractéristiques corporelles comparées entre deux jumeaux identiques, les patterns du réseau vasculaire de la rétine avaient montré le minimum de similitudes [11].

Les vaisseaux sanguins sont parmi les premiers organes à se développer dans le corps humain, et sont entièrement dérivés du mésoderme. Le développement vasculaire s'effectue durant deux processus nommés : vasculogenèse et angiogenèse. Ce sont deux processus qui se développent lors de l'embryogenèse (formation du corps humain en phase fœtale). A sa naissance, les vaisseaux sanguins de la rétine de l'être humain, forment un arbre qui va se développer pendant un moment, puis va être fixé après quelques années.

Comme tous les vaisseaux sanguins, l'arbre vasculaire rétinien est caractérisé par des branchements ou plutôt des bifurcations. Les branches principales provenant du nerf optique, à travers la papille, bifurquent en sous-branches, et ces sous-branches se divisent en d'autres...etc., formant une hiérarchie vasculaire. Ces points de branchement, ou de bifurcation, sont positionnés d'une manière unique dans chaque œil, et peuvent être utilisés pour générer une signature biométrique. Il y a aussi les points de croisement qui sont, en réalité, les points d'intersection des branches lors de leur projection dans une image en 2D. Cependant, le problème de comparaison d'images rétinienne se réduit à la comparaison des points de bifurcation et de croisement. Une technique qui est inspirée du processus d'identification par empreintes digitales basé sur les minuties (décrit dans le chapitre 1).

L'utilisation de ces points comme signature biométrique a connu un succès remarquable auprès des systèmes d'identification rétinaux. En plus de sa fiabilité, cette méthode a l'avantage de minimiser considérablement la quantité de mémoire utilisée pour stocker les informations biométriques d'une image rétinienne. Elle permet de stocker uniquement les

coordonnées des points de bifurcation et de croisement des branches, au lieu de stocker toute l'image de l'arbre vasculaire ou l'image rétinienne entière.

Tenant compte de ces affirmations, plusieurs algorithmes d'identification, ont été développés, en se basant sur la topologie du réseau vasculaire et particulièrement sur les positions des points de bifurcation et de croisement des branches.

Nous allons, dans ce chapitre, citer quelques travaux dans ce domaine, puis proposer un schéma organigramme de la méthodologie adoptée. Ensuite, nous décrirons les méthodes d'extraction des caractéristiques visuelles d'une image rétinienne. Nous commencerons par le réseau vasculaire en entier, puis nous passerons aux points de bifurcation et de branchement, et à la fin un algorithme d'extraction de deux autres caractéristiques utiles à notre procédé (en phase de recalage): les centres de la papille et de la macula, est détaillé.

II. Etat de l'art.

C'est probablement, à cause de son coup relativement élevé et de son caractère invasif que la biométrie par la rétine n'a pas bénéficié d'un grand intérêt de la part des chercheurs. Nous avons rencontré un nombre important de travaux portant sur la rétine mais surtout dans un contexte médical pour identifier et localiser des pathologies. Ces travaux se sont, en majorité, posés le problème de la segmentation du réseau vasculaire, de la localisation de points caractéristiques et des pathologies. La morphologie mathématique y est très utilisée.

N'empêche que nous avons trouvé, durant notre recherche bibliographique, quelques types d'algorithmes proposés pour automatiser cette méthode d'authentification à travers les images du fond d'œil.

Dans [17], S.M.R. KABIR ET AL. ont utilisé une méthode de comparaison basée sur un degré de corrélation entre des segments angulaires de la rétine. L'image entière est utilisée dans le processus d'identification.

Dans [19], C. MARIÑO ET AL. ont proposé une technique de comparaison des arbres vasculaires en entier. Une fois les lignes de crêtes, correspondantes aux vaisseaux, sont extraites de l'image, une technique de recalage est appliquée pour aligner les arbres, puis, une méthode de calcul de similarité des réseaux est utilisée pour comparer les individus.

Dans [22], M.D. AMIRI ET AL. adoptent un algorithme qui extrait des partitions radiales et angulaires du réseau vasculaire puis les compare à l'aide d'une transformée de Fourier et la métrique de Manhattan. Ils obtiennent un taux d'efficacité de 98.75% du système de reconnaissance sur la base d'images utilisée.

Dans la majeure partie des autres travaux que nous avons rencontrés tels que [16], [18], [20], [21], [23], [24], leurs auteurs ont utilisé des algorithmes automatiques plus ou moins variés, mais tous basés sur une comparaison de patterns formés à l'aide des points de bifurcations et de croisements des branches du réseau vasculaire. Les méthodes d'extractions de l'arbre vasculaire et des points de bifurcation, ainsi que le processus de

comparaison des patterns, varie d'un algorithme à un autre, mais le principe reste le même. Nous discuterons ces méthodes dans les différentes sections qui suivent.

III. Schéma de l'algorithme d'identification.

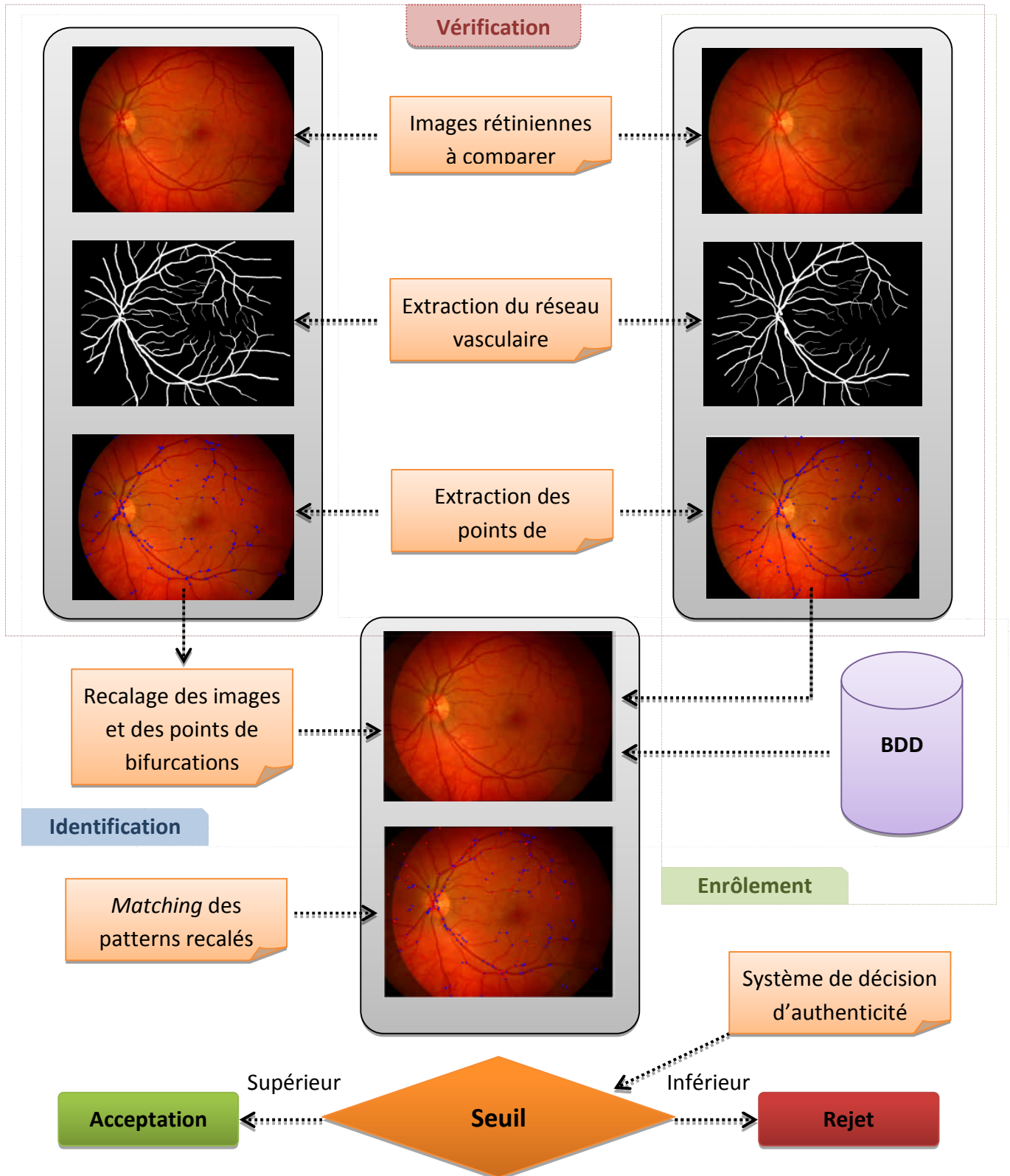


Figure III.1 - Schéma général de l'algorithme d'identification par la rétine (Images de [100]).

Nous avons choisi d'implémenter, durant notre étude de cette technique biométrique, un algorithme automatique de comparaison des signatures, le plus populaire, basé sur les points de bifurcations et de croisement des branches du réseau vasculaire de la rétine.

Ce procédé d'identification est constitué de plusieurs étapes comme montré dans la Figure III.1.

Ces étapes seront décrites et discutées, une par une, dans les prochaines sections.

IV. Extraction des caractéristiques.

a. Le réseau vasculaire.

Les vaisseaux sont des structures de forme allongée, beaucoup plus longues que larges, rouges et plus sombres que le fond. Ils entrent dans la rétine par le disque optique et ils parcourent la rétine en formant l'arbre vasculaire. Leur largeur varie dans une image rétinienne : il existe de gros vaisseaux et des vaisseaux très minces. De plus, il y a un lien entre le contraste d'un vaisseau et sa largeur : les vaisseaux varient considérablement d'une image à l'autre [30].

Dans une même image, il y a souvent des différences de couleur importantes d'un vaisseau à l'autre : la couleur de la réponse spectrale de l'hémoglobine dépend de la concentration en oxygène, et par conséquent, les veines ont une couleur différente de celles des artères. De plus, la couleur dépend également de la largeur du vaisseau, de la quantité de sang qui y est contenue ainsi que de l'éclairage non uniforme dans toute l'image. Par contre, la largeur des vaisseaux ne varie pas d'un patient à l'autre : les vaisseaux sont toujours plus minces qu'un paramètre λ qui est constant pour toutes les images.

Comme nous l'avons vu dans le chapitre 3, les vaisseaux apparaissent les plus contrastés dans le canal vert de l'image couleur. Pour la détection des vaisseaux, nous travaillerons donc exclusivement sur le canal vert, que nous notons f dans ce chapitre.

Malheureusement, il y a des difficultés majeures qui rendent la détection des vaisseaux parfois très compliquée. Souvent, les images rétiniennes ont un faible contraste et sont corrompues par un niveau de bruit très élevé. Par conséquent, les pixels sur un vaisseau ne sont pas caractérisés par une valeur de gris inférieure au fond; c'est la moyenne le long du vaisseau qui est inférieure à la moyenne du fond. Une deuxième conséquence de la présence de bruit et du faible contraste est la mauvaise définition des bords des vaisseaux. Aussi, la connexité du réseau vasculaire est souvent « interrompue » par du bruit. Par conséquent, il existe des bouts de vaisseau qui ne sont pas connexes au reste de l'arbre vasculaire.

1. Etat de l'art.

Beaucoup a été écrit sur la détection de l'arbre vasculaire dans des images rétiniennes. Les premiers travaux dans ce domaine ont été faits en 1982 [32]. Les auteurs proposent

l'application des algorithmes utilisés dans l'analyse automatique des images satellites (« *ridge following* ») à la détection de vaisseaux dans les images rétinienne, avec un succès modeste. Dans [33], les auteurs proposent une combinaison de filtrages monodimensionnels avec un filtre orienté et de profil gaussien (fondée sur la théorie de détection de bords présentée par MARR et HILDRETH dans [34]) avec un suivi des vaisseaux à partir de la papille. L'inconvénient de cette méthode est sa grande sensibilité au bruit et la nécessité de détecter d'abord la papille, alors que cela peut présenter plus de problèmes que la détection des vaisseaux elle-même, surtout s'il existe des pathologies dans l'œil.

Un grand progrès a été apporté par SBAHASIS CHAUDHURI en 1989 [35]. En effet, beaucoup d'algorithmes proposés dans la littérature s'appuient sur cette méthode. On suppose que le vaisseau est linéaire par morceaux et que les « segments vasculaires » qui le constituent ont un profil gaussien. La convolution avec un filtre à profil gaussien amplifie alors tous les segments vasculaires ayant la même orientation tout en les lisant dans cette direction. Ce filtrage est effectué dans des directions différentes, et la différence par rapport à l'image lissée est calculée. Le résultat est obtenu par un simple seuillage. Bien que les résultats ne soient pas mauvais, il y a de fausses détections systématiques causées par des objets clairs comme la papille et les exsudats (ce qui revient au même problème que celui discuté dans le chapitre 3, section V), par des objets sombres comme des hémorragies et des micro-anévrismes qui sont liés au réseau vasculaire par cet opérateur et par le bruit. Trouver une méthode de seuillage qui prend en considération les différences de contraste entre les images n'est pas une tâche simple. De plus, le traitement est relativement lent. Dans [36], les auteurs proposent une extension de cet algorithme : des méthodes de classification sont appliquées pour identifier les faux positifs. Dans [37], les auteurs proposent des méthodes de seuillage local, mais les résultats ne sont pas convaincants. Dans [38] et [39], une combinaison de suivi (« *tracking* ») et de filtrage directionnel est proposée. Le suivi se sert des critères comme, par exemple, la continuité de direction et la largeur des vaisseaux. Le problème des algorithmes de suivi est la sensibilité aux interruptions du réseau vasculaire.

Dans d'autres publications, les auteurs appliquent un détecteur de bords (comme celui de CANNY [40]) et ils groupent les pixels trouvés de cette manière pour ne garder que des bords parallèles [41], [42].

Dans [43], des réseaux de neurones sont utilisés, mais un avantage par rapport à des approches fondées sur des modèles n'a pas pu être démontré.

Dans [44], les auteurs utilisent une combinaison de filtres morphologiques avec des méthodes linéaires pour détecter les bords des vaisseaux (la méthode est également fondée sur la stratégie proposée dans [34]). La méthode s'est montrée très efficace pour les angiographies à la fluorescéine, mais pour les images en couleurs, elle ne donne pas toujours un résultat satisfaisant à cause du contraste plus faible [45]. De plus, la méthode est coûteuse en temps de calcul.

On peut constater que beaucoup d'algorithmes fonctionnant plus ou moins bien ont été conçu pour la détection du réseau vasculaire. A notre connaissance, de fausses détections dues aux hémorragies et aux exsudats posent toujours un problème majeur pour ces algorithmes (en effet, dans les articles correspondants, l'application des algorithmes à des images contenant des exsudats ou des hémorragies n'est pas discutée). De plus, les algorithmes sont relativement lents, ce qui représente un inconvénient majeur. Si la détection est utilisée pour un recalage d'image par exemple, il est essentiel que le résultat soit fiable, mais également que l'algorithme soit rapide car il doit être appliqué à deux images et suivi du recalage lui-même souvent assez long.

WALTER a présenté deux approches, en 2003, basées sur la morphologie mathématique. En effet, la première s'appuie sur une méthode d'augmentation de netteté et d'extraction de détails avec une transformation chapeau haut de forme [46]. Cette technique est très simple et s'est avérée très efficace même pour des images de qualité moyenne ou mauvaise. La deuxième méthode est aussi efficace que la première, et encore plus utile lorsqu'il n'est pas nécessaire d'extraire tout le réseau vasculaire, mais seulement sa structure. Cet algorithme détecte l'axe médian du réseau vasculaire de manière robuste et efficace, il est fondé sur la méthode de segmentation par la ligne de partage des eaux.

Plusieurs approches ont été proposées dans d'autres publications, telles que [47 - 62], et qui sont aussi fiables et efficaces les unes que les autres.

Pour son efficacité et sa facilité d'implémentation, nous avons choisi d'appliquer le second algorithme proposé par THOMAS WALTER dans [30]. L'objectif de cet algorithme coïncide parfaitement avec notre axe de recherche : extraire uniquement le squelette, au lieu de l'arbre vasculaire entier, qui nous servira, par la suite, pour la détection des points de bifurcation.

2. Algorithme de l'extraction.

Dans beaucoup d'applications, comme dans le cas de notre système d'identification basé sur les caractéristiques du réseau vasculaire, il n'est pas nécessaire d'extraire tout le réseau vasculaire, mais seulement sa structure. DR WALTER, dans [30], a développé un algorithme qui détecte directement le squelette de l'arbre vasculaire. L'idée principale est d'appliquer la ligne de partage des eaux (décrite dans le chapitre 2) sur le chapeau haut de forme de l'image filtrée, et de caractériser les branches de la LPE par leur contraste local pour identifier les faux positifs. Par la suite, les étapes de l'algorithme seront détaillées.

Voici un organigramme modélisant l'algorithme de WALTER (Figure IV.1):



Figure IV.1 - Organigramme de l'extraction du squelette de l'arbre vasculaire rétinien.

i. Pré-filtrage.

Le pré-filtrage a comme objectif, d'une part, d'enlever du bruit clair et les petits exsudats, s'ils existent, qui pourraient causer des fausses détections, et d'autre part, de connecter des bouts de vaisseaux non connexes. Ces deux cas causent des problèmes pour la détection du réseau vasculaire illustrés dans la Figure IV.2.

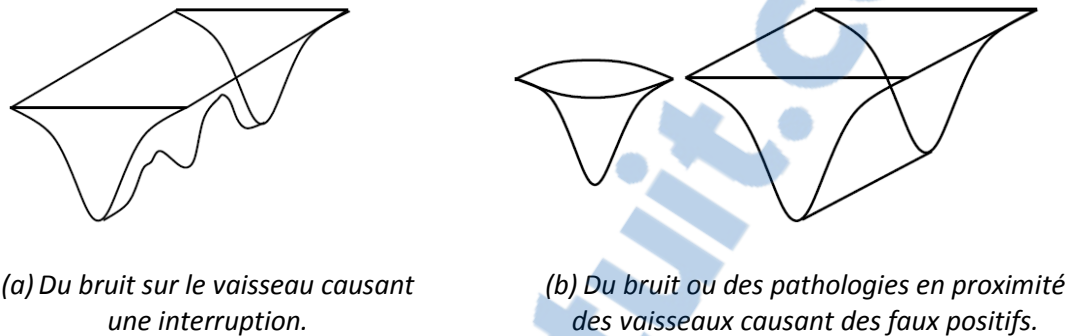


Figure IV.2 - Deux problèmes dans la détection des vaisseaux [30].

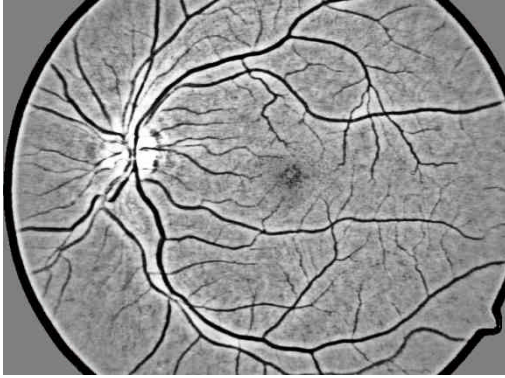
Malheureusement, les deux problèmes ne peuvent pas être résolus par l'application du même opérateur. Si le bruit, sur le vaisseau et qui l'interrompt (Figure IV.2 (a)), est enlevé et si la connexité du réseau vasculaire est restaurée, (par exemple par un filtrage directionnel comme il est proposé dans [35] ou par ouverture), il est inévitable de connecter aussi des éléments parasites aux vaisseaux. Beaucoup de fausses détections en sont la conséquence dans la méthode proposée dans [35]. Dans [44], l'infimum de fermetures dans des directions différentes est calculé ⁽¹⁾, afin d'enlever des faux positifs potentiels (comme celui dans la Figure IV.2 (b)). Malheureusement, les bouts de vaisseaux déconnectés par les bruits en font partie aussi : parfois le réseau se présente juste comme une suite de « petits trous », tant il est corrompu par du bruit. Donc, le pré-filtrage enlève de faux positifs potentiels, mais aussi de vrais vaisseaux : la méthode dont le pré-filtrage constitue la première étape est moins sensible mais n'est guère applicable aux images de faible contraste [45].

Le point commun de ces deux méthodes de pré-filtrage est le parcours des directions différentes soit pour lisser l'image dans cette direction, soit pour la fermer : les deux méthodes tentent de favoriser des structures linéaires dans une image en évaluant des groupes de pixels positionnées selon une ligne. Dans la méthode présentée dans [30], le pré-filtrage a juste comme objectif d'enlever du bruit clair et les petits exsudats qui sont responsables de plusieurs faux positifs.

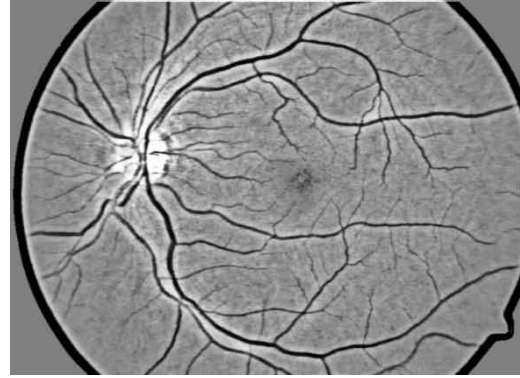
Pour enlever du bruit clair dans une image à teintes de gris, il suffit d'appliquer une ouverture. Une ouverture morphologique a comme inconvénient que des séparations entre des vaisseaux très proches sont aussi enlevées ; pour cela, la taille de l'élément structurant doit être très petite. Il est préférable de se servir de l'ouverture surfacique [63] qui enlève

¹ En réalité, le supremum d'ouvertures est calculé, mais l'algorithme est appliqué aux angiographies, où les vaisseaux apparaissent comme des objets clairs et non pas des objets sombres.

tous les éléments clairs d'une image qui ne dépassent pas une surface λ ; indépendamment du seuil, il n'existe aucune composante connexe de la section correspondante au seuil avec une surface plus petite que λ . En fait, l'ouverture par reconstruction enlève des éléments dans l'image selon leur « épaisseur ». La surface est un critère plus pertinent parce qu'une longue séparation entre deux vaisseaux a une faible épaisseur, mais une surface assez grande pour être gardée par l'ouverture surfacique, alors qu'elle serait effacée par une ouverture morphologique. (Ce type d'ouvertures est détaillé dans l'annexe A).



(a) L'image du canal vert améliorée



(b) Résultat du pré-filtrage

Figure IV.3 - Le pré-filtrage par une petite gaussienne.

Le bruit dans l'image est, ensuite, diminué par une gaussienne de petite taille. L'image préfiltrée p_1 est alors :

$$p_1 = \Gamma * (\gamma_\lambda^{surf} f) \quad (IV.1)$$

avec Γ un filtre gaussien. Le résultat de ce filtrage est montré dans la Figure IV.3 (b) : le pré-filtrage ne change pas beaucoup l'image, alors que le bruit est réduit.

ii. Transformation par chapeau haut de forme.

Pour faire ressortir le réseau vasculaire, la transformation chapeau haut de forme est appliquée sur cette image préfiltrée, utilisant un élément structurant circulaire de taille suffisamment grande pour boucher tous les vaisseaux :

$$p_2 = \phi^{\lambda^B}(p_1) - p_1 \quad (IV.2)$$

Le résultat du chapeau haut de forme est montré dans la Figure IV.5 (a). Dans cette image, les vaisseaux apparaissent comme des objets clairs, allongés et connexes. Les différences de contraste entre les vaisseaux sur une même image ou entre des images différentes font que des méthodes de seuillage ne sont pas adaptées pour trouver le réseau vasculaire à partir de l'image chapeau haut de forme.

Si l'image est considérée comme une surface topographique, les vaisseaux correspondent à des lignes de crêtes de cette surface. L'outil morphologique par excellence pour trouver les

lignes de crête dans une image est la ligne de partages des eaux (LPE) définie dans le chapitre 2. Pour calculer la LPE, il faut d'abord trouver un bon « marqueur », ce qui est explicité dans le paragraphe suivant.

iii. L'image marqueur.

Afin d'éviter une sur-segmentation en l'appliquant directement, la LPE doit être contrôlée par un marqueur. Dans le chapitre 2, l'usage de la ligne de partage des eaux contrôlée par un marqueur est expliqué : à partir des minima importants, l'image est inondée et des barrages sont construits entre les lacs qui se rencontrent, ces barrages constituent la ligne de partage des eaux.

Dans notre cas, le but n'est pas de trouver des bassins versants (comme c'est souvent le cas), mais c'est la ligne de partage des eaux elle-même qui est censée donner le résultat de segmentation. Alors les marqueurs doivent être choisis de manière à ce que la ligne de partage des eaux coïncide avec les vaisseaux, il est donc important de marquer toutes les « vallées encaissées » et toutes les « criques », c'est-à-dire toutes les zones entourées partiellement ou entièrement par les vaisseaux. Un tel marqueur est montré dans la Figure IV.4.

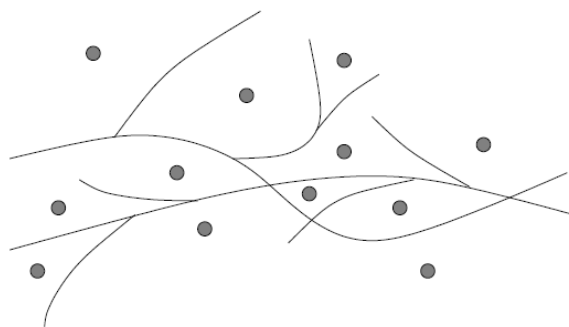


Figure IV.4 - Des vaisseaux et un marqueur "idéal" (les cercles gris) [30].

Afin d'obtenir un tel marqueur, une approximation du réseau vasculaire est calculée par un simple seuillage de l'image préfiltrée du chapeau haut de forme (Figure IV.5 (b)). Comme on le voit dans la Figure IV.5 (a), il n'est pas possible de trouver un bon seuil qui segmente tout le réseau vasculaire en donnant peu de faux positifs. Cependant, l'objectif dans cette étape de l'algorithme est seulement de trouver un marqueur pour la LPE, et l'approximation obtenue par un seuillage (Seuil = 25, par expérimentation, a donné un bon résultat dans [29]) est suffisamment bonne pour atteindre ce but.



(a) Transformation par chapeau haut de forme de l'image préfiltrée.



(b) Approximation de l'arbre vasculaire par seuillage ($S= 25$).

Figure IV.5 - Transformation par chapeau haut de forme et approximation du réseau vasculaire.

Le marqueur, c'est-à-dire, l'ensemble de points d'où l'inondation commence, est choisi en fonction de la distance par rapport à cette approximation (montrée dans la Figure IV.5 (b)) du réseau vasculaire : ce sont les maxima locaux de la fonction de distance de l'approximation inversée (Figure IV.6 (a)).

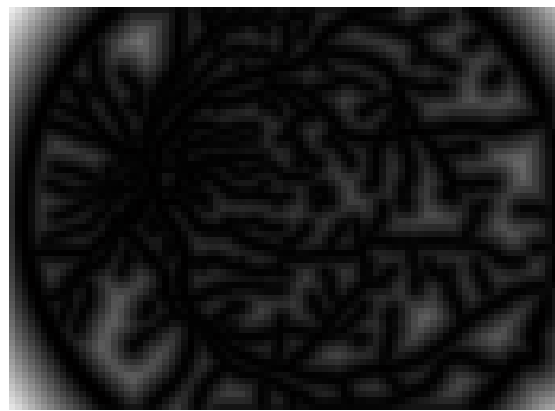
Pour calculer la fonction de distance, il faut d'abord nettoyer l'image : il ne faut absolument pas qu'il y ait un marqueur sur un vaisseau, sinon le vaisseau en question ne ferait pas partie de la ligne de partage des eaux, et il serait forcément raté par l'algorithme. Pour cela, il suffit de boucher tous les trous ayant une surface trop petite (5 pixels). Soit T_K le seuillage par surface, m_1 une image intermédiaire et $D(\cdot)$ la fonction de distance, l'image marqueur m peut être obtenue à partir de l'image chapeau haut de forme p_2 de la manière suivante (Figure IV.6 (b)):

$$m_1 = [\phi_\lambda^{surf} T_K(p_2)]^c$$

$$m(x) = \begin{cases} f(x) & , \text{ si } x \in \text{Max} \{D(m_1)\} \\ t_{max} & , \text{ sinon} \end{cases} \quad (\text{IV.3})$$



(a) L'approximation du réseau vasculaire nettoyée.



(b) Fonction de distance de l'approximation.

Figure IV.6 - L'image de distance et l'image marqueur.

iv. La détection des lignes de crête à l'aide de la LPE.

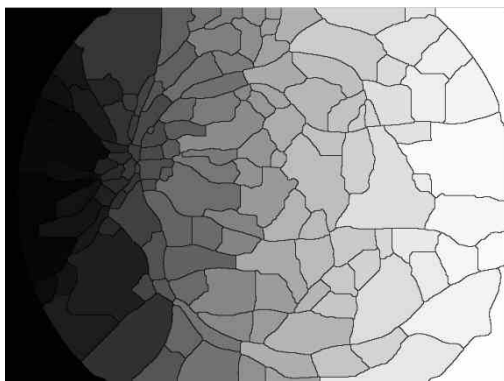
Ayant déterminé le marqueur, la ligne de partage des eaux, peut être calculée de la manière habituelle :

$$LPE_m(f) = LPE(R_f^*(m)) \quad (IV.4)$$

Le résultat est montré dans la Figure IV.7 (a). La ligne de partage des eaux suit les vaisseaux comme prévu et, par conséquent, il existe plusieurs faux positifs, c'est-à-dire des branches qui ne correspondent pas à des vaisseaux. La LPE est toujours fermée : elle délimite un bassin versant. Alors, si une zone n'est pas entièrement entourée par des vaisseaux, il doit y avoir forcément une branche de la LPE qui ne correspond pas à un vaisseau.

Pour extraire le squelette vasculaire de la LPE, WALTER, dans [30], a utilisé un critère de contraste pour éliminer les fausses branches depuis la LPE.

Notre objectif est de ne détecter que les lignes de crête elles-mêmes. Pour cela, FEROU, dans [29], a introduit un opérateur logique (AND) entre l'approximation du réseau vasculaire et la ligne de partage des eaux, pour éliminer les bassins versants et les fausses lignes.



(a) Segmentation par la ligne des partages des eaux.



(b) Résultat de l'intersection avec l'approximation.

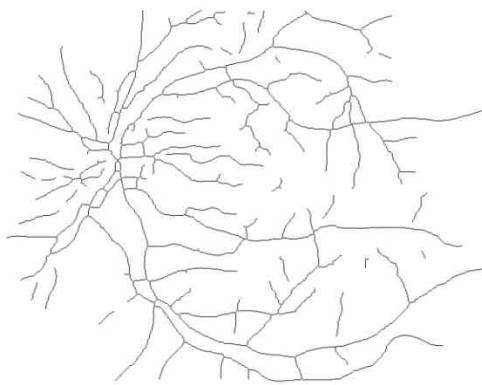
Figure IV.7 - La ligne de partage des eaux et intersection avec l'approximation.

Avec cet algorithme, tous les vaisseaux ont été détectés, mis à part quelques petits vaisseaux ayant un contraste trop faible (Figure IV.7 (b)). Un autre phénomène déplaisant : les erreurs aux bouts des vaisseaux. Beaucoup d'algorithmes proposés dans la littérature montrent également des inexactitudes aux bouts des vaisseaux. En effet, cela n'est pas étonnant car les vaisseaux ne finissent pas spontanément, mais se dissolvent lentement. Cela n'est pas gênant, puisque généralement nous nous contentons des gros vaisseaux pour extraire un nombre suffisant de points de bifurcations pour distinguer entre deux patterns.

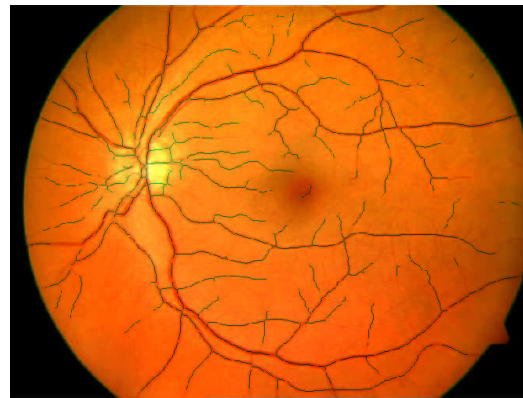
On remarque aussi, (Figure IV.7 (b)), la présence de pixels isolés qui n'ont pas d'importance. Pour régulariser ce problème, nous appliquons un filtrage selon un critère de surface.

Le squelette du réseau vasculaire obtenu (Figure IV.7 (b)) est bon, mais, il y a dans ce résultat beaucoup de petites branches (des barbules) qui ne correspondent pas à des vaisseaux. Pour raffiner l'arbre vasculaire, ces barbules peuvent être éliminées facilement en appliquant l'algorithme d'ébarbulation décrit dans l'annexe A.

Enfin, le contour de la rétine, apparent dans le résultat, est enlevé à l'aide d'une opération de remplissage des formes ovales et sélection de leur périmètre, puis une soustraction de ce contour depuis l'image du squelette. Le résultat final du squelette est montré dans la Figure IV.8.



(a) Squelette du réseau vasculaire obtenu par l'algorithme d'extraction.



(b) Superposition du squelette sur l'image originale.

Figure IV.8 - Résultat final de l'algorithme d'extraction du squelette vasculaire.

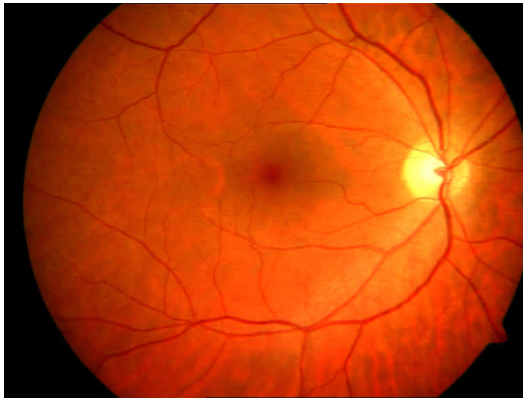
On peut dire, finalement, que l'algorithme de détection de l'arbre vasculaire, basé sur la ligne de partage des eaux contrôlé par marqueur, est un algorithme robuste et donne des résultats fiables que ce soit pour des images bien contrastées (Figure IV.9 (b)), ou pour des images de très faible contraste (Figure IV.9 (d)).

Nous verrons, par la suite, comment extraire les points de bifurcation et de croisement des branches, depuis le squelette vasculaire obtenu.

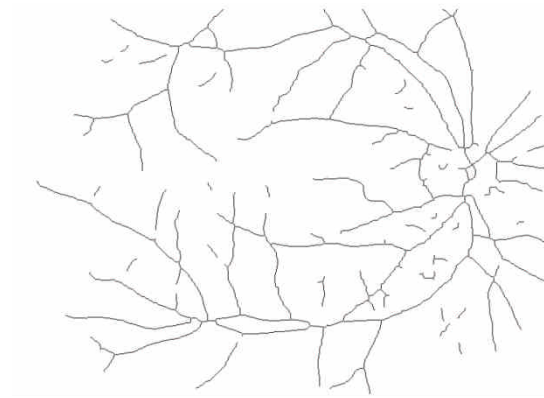
b. Les points de bifurcation.

Comme nous l'avons précisé auparavant, nous utilisons dans ce mémoire, comme pattern biométrique, la position des points de bifurcation et de croisement des branches. Cette caractéristique est unique et difficile, voire impossible, à reproduire. Nous avons aussi affirmé, que ce pattern est invariable durant la vie de l'être humain, à moins qu'une sérieuse pathologie apparaisse dans l'œil. La plupart des maladies connues, telles que le diabète, ne changent pas la topologie du pattern. Quelques petites lésions (exsudats, ou micro-anévrismes) peuvent apparaître mais sont facilement évitées avec les algorithmes

d'extractions du réseau vasculaire. Basée sur l'idée des minuties des empreintes digitales, évoquée dans le premier chapitre, un pattern robuste est présenté ici, où un ensemble de bornes limites sont utilisées comme points caractéristiques.



(a) Image bien contrastée [100]



(b) Résultat de l'extraction de l'arbre



(c) Image peu contrastée [100]



(d) Résultat de l'extraction de l'arbre

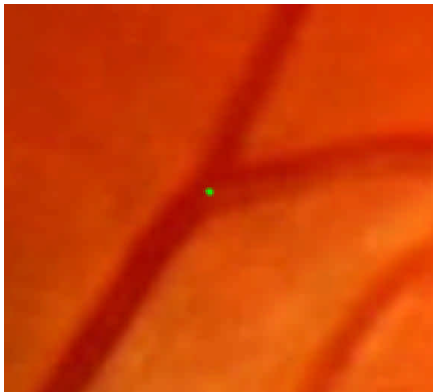
Figure IV.9 - Exemples du résultat de l'algorithme sur des échantillons de la base [100].

En outre, le choix de ces points comme trait biométrique a gagné un grand intérêt dans les systèmes de reconnaissance, grâce à son caractère économe de la mémoire. En effet, le pattern contient une information riche et unique, et la taille mémoire nécessaire à son stockage est considérablement inférieure à celle de l'arbre vasculaire ou de l'image en entier. Dans ce cas-là, le problème de comparaison de patterns est réduit à un problème de comparaison de points et une mesure de similarité des patterns va être calculée à base du nombre de points similaires.

Un point de bifurcation c'est le point où se divise un vaisseau rétinien en deux autres petits vaisseaux (Figure IV.10 (a)). Un point de croisement est un point (virtuel) qui représente la position de l'intersection de deux branches dans une vue à deux dimensions (Figure IV.10 (b)).

Nous verrons dans cette section comment extraire ces points de bifurcation et de croisement des branches du squelette vasculaire que nous avons obtenu avec l'algorithme

précédent. La position de ces points servira plus tard, dans ce chapitre à établir le trait biométrique.



(a) Point de bifurcation



(b) Point de croisement

Figure IV.10 - Exemples des points de bifurcation et de croisement [100].

1. Etat de l'art.

La détection des points caractéristiques de l'arbre vasculaire rétinien est une tâche très délicate. Ceci est dû, particulièrement, à la complexité de la structure du réseau vasculaire, où l'illumination et la taille des vaisseaux sont fortement hétérogènes d'une image à une autre, et, souvent, même entre deux régions, différentes de la même image.

Le problème commun des approches de détection des points caractéristiques qui existent dans la littérature, est l'utilisation du disque optique comme point de référence dans l'image. Or, la détection du disque optique est un problème plus complexe, et, parfois, ne peut être réalisée correctement chez des individus, surtout pour les cas pathologiques.

Cette propriété de bifurcation et de croisement des branches du réseau vasculaire a acquis beaucoup d'attention notamment chez les ophtalmologistes dans l'interprétation des images en vue d'une détection de pathologie ou de lésions dans la rétine. Ces points servent beaucoup dans le domaine de recalage automatique des images rétinienues.

Dans plusieurs travaux de recherche [61], [3], [84], [18], [23], [29], les auteurs ont utilisé la notion de voisinage des pixels pour détecter les points caractéristiques. Nous allons voir dans le paragraphe qui suit comment appliquer la transformation de voisinage pour détecter les points de bifurcation et de croisement.

2. Algorithme de l'extraction.

Les points de bifurcation se caractérisent en théorie par la présence de trois branches de vaisseaux qui définissent une certaine orientation. Comme on peut le voir sur la Figure IV.11 (a), les points de bifurcation ont une forme en Y, ou en T (Figure IV.11 (b)).

Il y a également des cas où des vaisseaux se croisent (artères et veines). Dans ce cas, il s'agit d'une intersection à quatre branches formant un X (Figure IV.11 (c)).

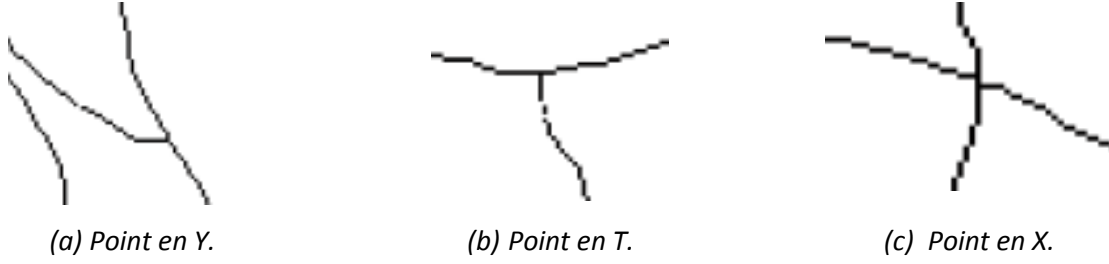


Figure IV.11 - Exemples des formes de points caractéristiques.

Pour localiser ces points sur le squelette vasculaire, il suffit de détecter tous les X, Y, et T. Pour cela, nous avons appliqué une transformation morphologique connue sous le nom de «Transformation de voisinage» définie, dans [83], par :

$$X \otimes V(i, j) = \begin{cases} 1 & \text{si } V_x(X) \in V \\ 0 & \text{sinon} \end{cases} \quad (\text{IV.5})$$

Avec V une famille composée de 18 configurations de voisinage :

❖ Les formes en Y :

$$\begin{pmatrix} 1 & 0 & 1 \\ 0 & 1 & 0 \\ 0 & 1 & 0 \end{pmatrix} \text{ et 07 autres configurations obtenues par des rotations de } \frac{\pi}{4} :$$

$$\begin{pmatrix} 0 & 1 & 0 \\ 0 & 1 & 1 \\ 1 & 0 & 0 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} 0 & 0 & 1 \\ 1 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 1 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} 1 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 1 \\ 0 & 1 & 0 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} 0 & 1 & 0 \\ 0 & 1 & 0 \\ 1 & 0 & 1 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} 0 & 0 & 1 \\ 1 & 1 & 0 \\ 0 & 1 & 0 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} 1 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 1 \\ 1 & 0 & 0 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} 0 & 1 & 0 \\ 1 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 1 \end{pmatrix}$$

❖ Les formes en T :

$$\begin{pmatrix} 0 & 0 & 0 \\ 1 & 1 & 1 \\ 0 & 1 & 0 \end{pmatrix} \text{ et 07 autres configurations obtenues par des rotations de } \frac{\pi}{4} :$$

$$\begin{pmatrix} 1 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 \\ 1 & 0 & 1 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} 0 & 1 & 0 \\ 1 & 1 & 0 \\ 0 & 1 & 0 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} 1 & 0 & 1 \\ 0 & 1 & 0 \\ 1 & 0 & 0 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} 0 & 1 & 0 \\ 1 & 1 & 1 \\ 0 & 0 & 0 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} 1 & 0 & 1 \\ 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 1 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} 0 & 1 & 0 \\ 0 & 1 & 1 \\ 0 & 1 & 0 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} 0 & 0 & 1 \\ 0 & 1 & 0 \\ 1 & 0 & 1 \end{pmatrix}$$

❖ Les formes en X :

$$\begin{pmatrix} 1 & 0 & 1 \\ 0 & 1 & 0 \\ 1 & 0 & 1 \end{pmatrix} \text{ et une autre configuration obtenue par des rotations de } \frac{\pi}{4} : \begin{pmatrix} 0 & 1 & 0 \\ 1 & 1 & 1 \\ 0 & 1 & 0 \end{pmatrix}$$

Nous appliquons cette transformation sur le squelette de l'arbre vasculaire issu de l'étape précédente, et nous obtenons comme sortie une image binaire contenant uniquement des points de bifurcation et de croisement comme montré dans la Figure IV.12.

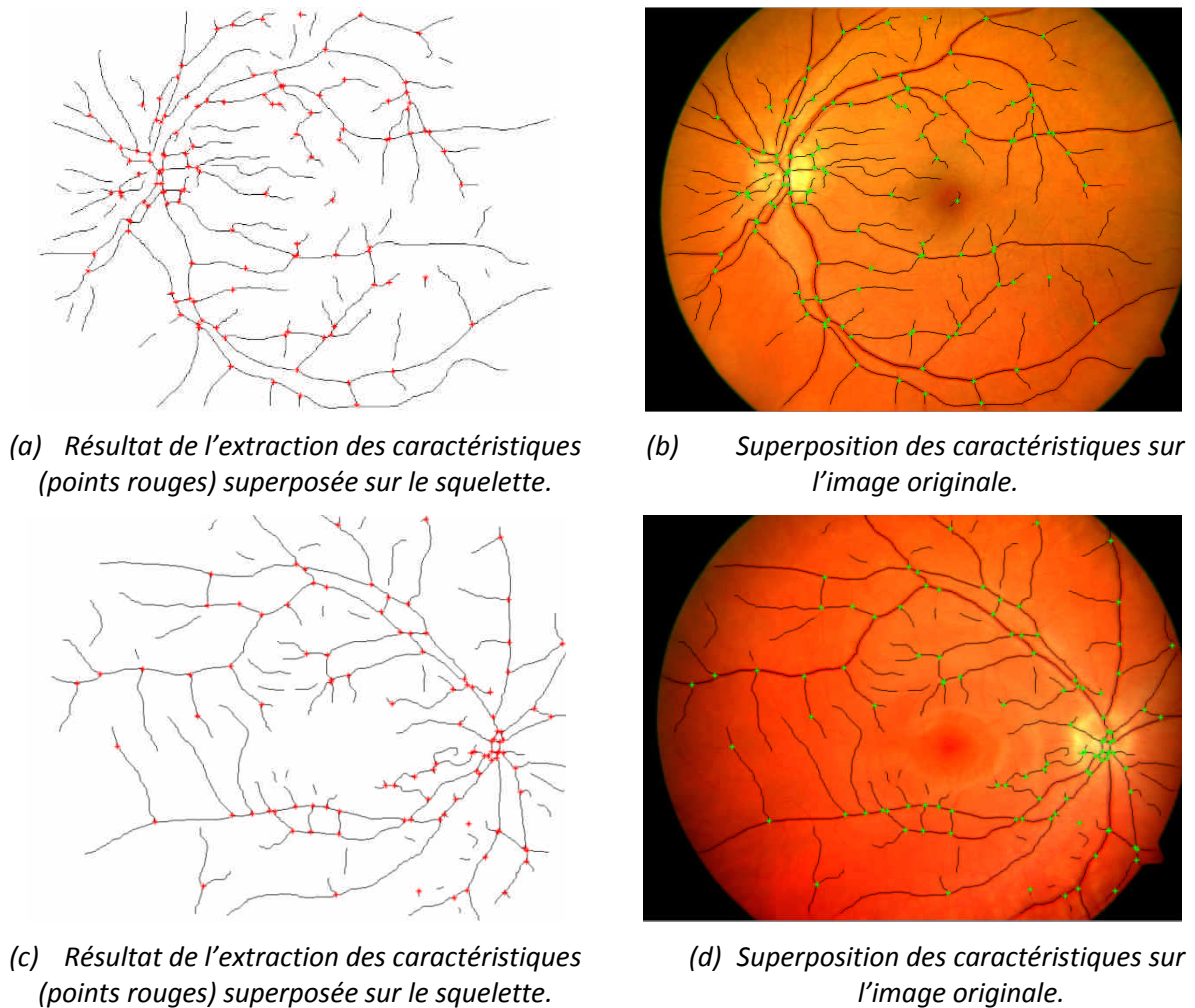


Figure IV.12 - Exemples d'extraction des points de bifurcation et de croisement.

Les coordonnées cartésiennes (x, y) de projection sur les axes du plan de l'image sont utilisées pour établir la signature biométrique. Pour obtenir un nombre suffisant de points de bifurcation et de croisement, il faut extraire l'arbre vasculaire avec la meilleure précision possible. On remarque dans la Figure IV.12 (a et c), que la plupart des points de bifurcation ont été détectés dans les deux images, mis à part quelques points qui ont été ratés par l'algorithme à cause de la qualité médiocre du squelette dans quelques régions (surtout à la fin des petits vaisseaux).

A présent, nous pouvons procéder à la phase finale de comparaison des patterns. Mais avant cela, une étape primordiale s'impose. En effet, pour comparer les patterns de deux images rétinienne à base des points caractéristiques obtenus, il faudrait, tout d'abord, aligner ces patterns. Cet alignement est appelé recalage des images.

Nous discuterons ces étapes dans le prochain chapitre. Dans le paragraphe suivant nous allons décrire des méthodes d'extraction des points de référence qui sont le centre de la papille et la fovéa (centre de la macula). Nous aurons besoin de ces points dans une des méthodes de recalage que nous verrons plus tard.

c. Les points de référence.

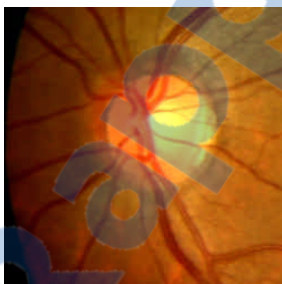
1. Le disque optique (papille).

La papille est un élément principal de la rétine ; sa détection est essentielle pour un système d'analyse de clichés rétinien. Beaucoup d'algorithmes de détection de lésions se basent aussi sur la détection de la papille, parce qu'elle permet d'identifier des faux positifs : notamment pour la détection d'exsudats, elle joue un rôle important. De plus, elle sert à trouver le centre de la vision (la macula) et son diamètre peut être vu comme une mesure de référence dans les clichés rétinien (par exemple, la distance entre la papille et la fovéa est environ 2,5 fois le diamètre de la papille [30]).

En dehors de son rôle majeur pour la conception d'autres algorithmes, la détection de la papille et l'analyse quantitative de l'évolution de sa forme et de sa taille peuvent apporter des informations cliniques de grande importance : en effet, l'analyse du changement de la papille sert à dépister et à suivre l'évolution des maladies. L'amélioration du diagnostic de ces maladies n'est pas le sujet de ce mémoire, mais l'algorithme présenté ici peut être utilisé à ce propos. Dans notre étude, nous nous servirons de la papille, notamment, pour le recalage d'image.

La papille (ou disque optique) est l'entrée des vaisseaux et du nerf optique dans la rétine. Elle se trouve du côté nasal de la macula (le centre de la vision) et elle ne contient pas de récepteurs pour la lumière : c'est pour cela qu'elle est appelée aussi la tache aveugle.

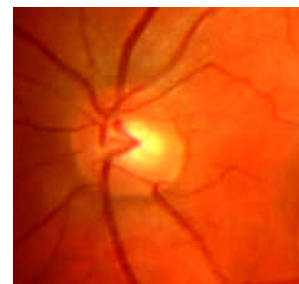
Dans les images rétinien, elle apparaît comme une grande tache de couleur jaunâtre ou blanche et de forme à peu près circulaire ou elliptique, interrompue par les vaisseaux sortants. Sa taille varie d'un sujet à l'autre, mais elle reste comprise entre 40 et 60 pixels de diamètre dans des images de 768 x 576 pixels. La papille est caractéristique par un fort contraste entre les vaisseaux sortants et la couleur jaune de la papille elle-même.



(a) Papille contrastée.



(b) Papille incomplète.



(c) Papille non-contrastée.

Figure IV.13 - Exemples de papilles [100].

Malheureusement cette description n'est pas valable pour toutes les images couleur de la rétine : parfois, ses contours sont à peine visibles, la couleur n'est pas toujours jaune et il peut y avoir d'autres régions dans l'image qui sont plus éclairées suite à un gradient

d'éclairage ou une grande accumulation d'exsudats. Les exsudats sont également caractérisés par une couleur jaune/blanche et apparaissent sous un fort contraste.

Dans la Figure IV.13, des différences dans l'apparence de la papille peuvent être observées. La papille montrée dans la Figure IV.13 (a) est bien contrastée, presque circulaire et de couleur jaune. C'est un objet très clair et sa détection, même avec des méthodes très basiques, ne devrait pas poser beaucoup de problèmes. Dans la Figure IV.13 (b), la couleur de la papille est plutôt blanche que jaune, elle est au bord de l'image, avec une partie non visible, les vaisseaux en couvrent une partie et par conséquent, les contours sont fortement perturbés. La papille montrée dans la Figure IV.13 (c) a un très faible contraste : elle est à peine plus claire que ses alentours et ses contours se laissent juste deviner.

i. Etat de l'art.

Il existe beaucoup de méthode de détection de la papille dans la littérature :

Dans [43], les auteurs localisent le disque optique en utilisant le contraste très élevé entre les vaisseaux sortants et la papille elle-même. Cette approche fonctionne bien dans des images uniformément éclairées et ne contenant pas d'exsudat ou d'autres pathologies claires et fortement contrastées. Aucune méthode pour la détection des contours n'est proposée.

Dans [33], un seuil par surface est utilisé pour trouver le disque optique. Les contours sont ensuite détectés à l'aide de la transformation de Hough [85]. Cette transformation est relativement lente, et de plus, les conditions d'une forme circulaire ne sont souvent pas remplies ; ce qui représente un problème majeur pour l'application de cette méthode. Comme il a été constaté dans [41] : si le contraste de la papille est faible ou si la papille est au bord de l'image, cette approche ne donne pas de résultats satisfaisants.

Dans [32], le disque optique est localisé par un suivi de vaisseaux vers leur origine. Cela est certainement une bonne stratégie, mais elle se base sur la détection complète du réseau vasculaire. Dans de très bonnes images, cela est possible, mais il suffit que quelques branches ne soient pas détectées par l'algorithme pour que cette approche échoue.

Dans [86], les contours du disque optique sont trouvés à l'aide des contours actifs ; le problème de localisation dans des images contenant des exsudats ou d'autres structures de luminosité élevée, n'est pas traité.

Dans [87], les auteurs comparent les structures dans l'image avec un modèle de la papille (*Template matching*). Cette approche gère mal des variations de taille de la papille d'un patient à l'autre, et elle n'a pas été testée dans des images contenant de grandes accumulations d'exsudats.

Dans [30], l'auteur a utilisé la morphologie mathématique pour l'extraction de la papille. L'algorithme utilisé localise d'abord la papille, ensuite calcule le contour en utilisant la LPE.

Mais n'empêche que cet algorithme a trouvé des difficultés face aux rétines très affectées par des anomalies.

Dans notre mémoire, nous avons besoin de localiser uniquement le centre de la papille qui servira comme point de référence, avec la fovéa, dans la phase de recalage. Pour ce faire, nous sommes obligés de trouver le contour de la papille et de calculer le barycentre.

L'algorithme proposé par WALTER dans [30] a donné un résultat assez satisfaisant, du moment que dans cette étude des systèmes biométriques, nous ne prenons pas en considération les cas particuliers présentant de fortes anomalies au niveau de la rétine.

ii. Algorithme de l'extraction.

L'algorithme de détection de la papille proposé dans [30] se divise en deux étapes : dans la première, la papille est localisée avec une approche qui se sert de la luminosité élevée de la papille et du réseau vasculaire détecté avec l'algorithme décrit dans la première section de ce chapitre.

Une fois la papille localisée, ses contours peuvent être trouvés à l'aide de la transformation de lignes de partage des eaux appliquée à une version filtrée de l'image. Nous expliciterons ces deux étapes par la suite. Deux premières versions de cet algorithme ont été publiées dans [46], [88].

❖ La localisation de la papille.

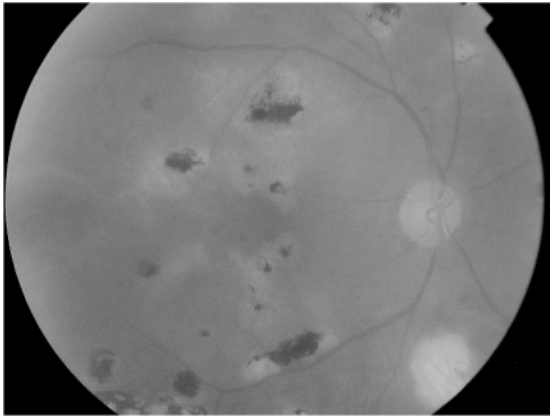
L'hypothèse de départ de cet algorithme est que la papille appartient aux régions les plus claires de l'image, et donc, un seuillage appliqué à l'image de la luminosité f_l obtenue par la représentation de l'image dans l'espace HLS (voir Annexe C pour plus d'informations sur les espaces de représentation des images), devrait permettre de trouver au moins une partie de la papille. Malheureusement, cela est vrai seulement s'il n'existe pas des accumulations d'exsudats de taille importante ou d'autres structures claires de couleur jaunâtre (comme par exemple l'atrophie dans l'image montrée dans la Figure IV.14 (a)). Avant l'application d'un seuil, il faut d'abord enlever ces structures. Cela peut être fait en se servant du réseau vasculaire : la papille n'est pas seulement une région de luminosité élevée, mais aussi l'entrée des vaisseaux. Autrement dit, la papille doit être connexe au réseau vasculaire V . La reconstruction d'une version dilatée du réseau vasculaire sous l'image f_l donne alors une image qui contient toujours la papille, mais aucun exsudat (ou autre structure de luminosité élevée) qui ne soit connexe au réseau vasculaire.

$$v(x) = \begin{cases} t_{max} & , si x \in V \\ t_{min} & , si x \notin V \end{cases} \quad (IV.6)$$

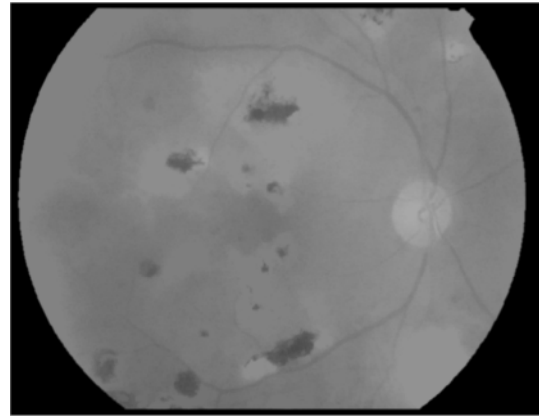
$$l_1 = R_{f_l}(\delta^{sB} v \wedge f_l) \quad avec \quad s = 5 \quad (IV.7)$$

En effet, le réseau vasculaire doit être dilaté parce qu'il faut marquer les parties claires de la papille : ces parties sont à proximité du réseau vasculaire, mais elles ne contiennent évidemment pas de vaisseaux. Il est préférable de ne pas utiliser tout le réseau vasculaire V tel qu'il est extrait par l'algorithme présenté dans le chapitre précédent pour cette opération : la partie du réseau vasculaire qui passe par la papille est la partie la plus contrastée et donc les paramètres de l'algorithme sont choisis pour ne pas extraire tous les vaisseaux, mais seulement les plus contrastés. De plus, de petits bouts non connexes au reste du réseau sont enlevés (par une ouverture surfacique binaire) : la probabilité qu'un exsudat de grande taille soit construit est d'autant plus petite que V est réduit ; la méthode est plus fiable si seule une partie du réseau vasculaire est utilisée.

L'effet de ce filtrage est montré dans la Figure IV.14 : l'atrophie en bas à droite de l'image de la Figure IV.14 (a) est enlevée dans la Figure IV.14 (b), la papille par contre est presque entièrement reconstruite. L'atrophie correspond à une tache jaune plus grande que la papille et de luminosité plus élevée. Dans les approches proposées dans [33], [46] et [88], la présence d'une telle structure aurait causé l'échec de l'algorithme de localisation.



(a) La luminosité d'une image rétinienne contenant une atrophie (en bas à droite).



(b) La reconstruction à partir des vaisseaux.

Figure IV.14 - La reconstruction de l'image à partir des vaisseaux [30].

Comme la taille approximative de la papille est connue et comme dans l'image l_1 , la papille appartient aux régions les plus claires, il suffit de mettre un seuil par surface : le seuil est calculé de manière à ce que K pixels appartiennent au résultat (dans les images de 768×576 , de bons résultats ont été obtenus pour $K \approx 2000$). Avec $\#A$ le nombre de pixels de A , nous pouvons écrire :

$$L_1 = T_{[\alpha, t_{max}]}(l_1) \quad \text{avec } \alpha \text{ tel que } \#L_1 \geq K \quad (\text{IV.8})$$

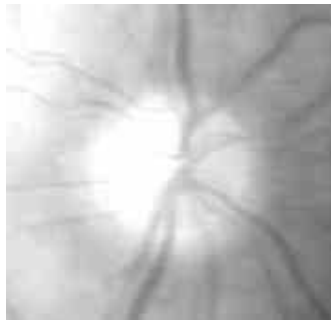
L_1 contient normalement plusieurs composantes connexes : une partie de la papille, du bruit et d'autres structures claires qui n'ont pas été enlevés par la reconstruction à partir des vaisseaux. Ceux-ci sont normalement des exsudats de petite taille, et il suffit de choisir la composante connexe la plus grande pour localiser la papille :

$$L \in C(L_1) \quad \forall A \in C(L_1) : \#L \geq \#A \quad (\text{IV.9})$$

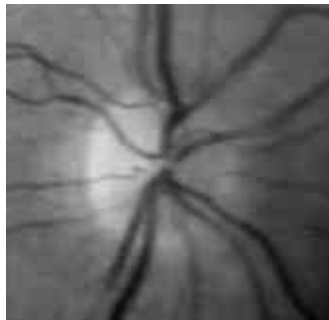
L coïncide avec une partie de la papille. Le centre de cette particule (un pixel appartenant au maximum de la fonction distance de L) sert par la suite comme approximation du centre de la papille pour trouver ses contours.

❖ *La détection des contours de la papille.*

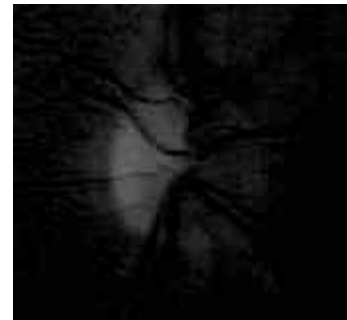
Les contours de la papille apparaissent sous le meilleur contraste dans le canal rouge f_r de l'image couleur, comme il est illustré dans la Figure IV.15 (a) montrant le canal rouge où les contours sont bien visibles et peu perturbés par les vaisseaux sortants, surtout parce que les vaisseaux apparaissent sous un faible contraste dans le rouge. Dans les Figure IV.15 (b et c) (les canaux vert et bleu), la papille se montre sous un contraste beaucoup plus faible. Elle est toujours visible, mais le contraste des vaisseaux sortants est beaucoup plus élevé que celui de la papille. De plus, toute une partie de la papille est plus sombre et le contraste entre cette partie et la partie plus claire est plus élevé que le contraste de la papille par rapport au fond.



(a) Canal rouge de la papille.



(b) Canal vert de la papille.



(c) Canal bleu de la papille.

Figure IV.15 - La décomposition en RVB de la région papillaire dans une image couleur.

Il est donc avantageux de travailler sur le canal rouge pour trouver les contours de la papille. Malheureusement, cela n'est pas toujours le cas : parfois le canal rouge est saturé et le contraste entre la papille et les alentours est très faible : dans ce cas, le travail sur le canal rouge ne peut pas donner un résultat satisfaisant. Ce problème sera discuté plus tard dans cette section.

La détection des contours utilisant le canal rouge : par la suite, f_r notera une sous-image du canal rouge centrée dans c , le centre approximatif de la papille. La taille est choisie assez grande pour que la papille soit entièrement comprise dans l'image.

Encore une fois, nous allons utiliser la méthode de segmentation par excellence en morphologie mathématique : la ligne de partage des eaux. Pour trouver les contours d'un objet, il faut appliquer la LPE sur le gradient d'une version filtrée de l'image. L'objectif est maintenant de trouver un filtrage qui permet de conserver les contours de la papille et d'enlever toutes les autres structures qui pourraient causer une valeur gradient élevée.

D'abord, le bruit présent dans l'image est diminué en filtrant l'image avec une gaussienne. La taille de la gaussienne peut être choisie relativement grande, parce que la papille ne correspond pas à une structure fine (de bons résultats ont été obtenus pour une taille de 9 pixels avec $\sigma = 4$) :

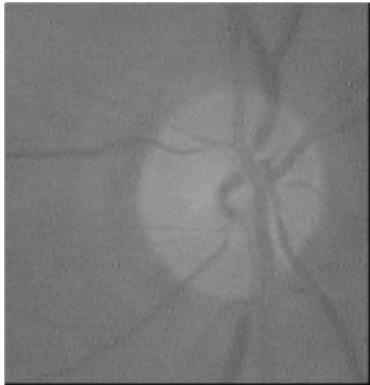
$$p_1 = \Gamma * f_r \quad (\text{IV.10})$$

Ensuite, les vaisseaux qui interrompent la forme de la papille sont enlevés par une simple fermeture morphologique. La taille de l'élément structurant est choisie plus grande que la largeur des vaisseaux. Pour les images 768 X 576, de bons résultats ont été obtenus pour $s_1 = 8$:

$$p_2 = \phi^{(s_1 B)}(p_1) \quad (\text{IV.11})$$

Souvent, il y a un grand pic à l'intérieur de la papille dû à des réflexions qui est bien visible dans les canaux vert et bleu (voir les Figure IV.15 (b et c)). Il est présent aussi dans le canal rouge. Il peut produire un très fort gradient à l'intérieur de la papille, qui est détecté au lieu des contours extérieurs. Une ouverture par reconstruction de grande taille ($s_2 = 15$) est alors calculée pour enlever ce pic :

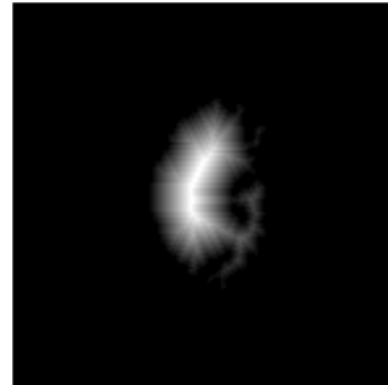
$$p_3 = R_{p_2}(\varepsilon^{(s_2 B)}(p_2)) \quad (\text{IV.12})$$



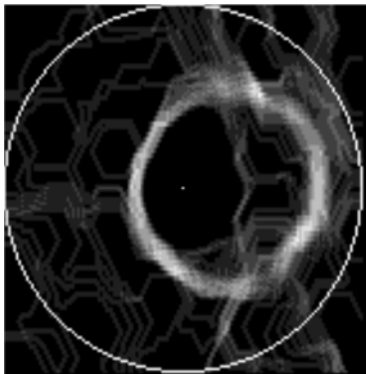
(a) Le canal de la luminance.



(b) La plus grande particule du résultat du seuillage.



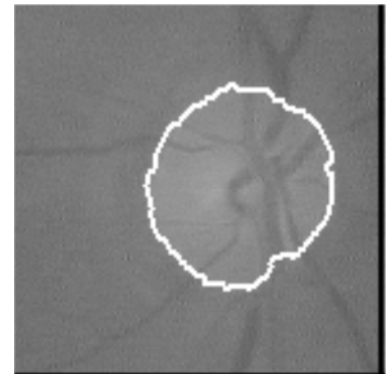
(c) La fonction distance de la Plus grande particule.



(d) Le gradient avec le marqueur superposé.



(e) Le résultat de la ligne de partage des eaux.



(f) Le résultat de segmentation.

Figure IV.16 - Les étapes de l'algorithme de détection de contours de la papille.

Comme l'élément structurant est grand, l'altération des bords par l'ouverture morphologique serait trop importante. Par contre, l'ouverture par reconstruction préserve les bords de l'image.

Ensuite, le gradient morphologique est calculé :

$$\rho p_3 = \gamma^{(B)}(p_3) - \varepsilon^{(B)}(p_3) \quad (\text{IV.13})$$

Calculer la LPE directement sur ce gradient donne un résultat avec une sur-segmentation importante. Pour éviter cela, il est nécessaire d'imposer un marqueur afin de limiter les sources d'inondation. A l'intérieur de la papille il doit y avoir exactement une source : avec une seule source d'inondation, l'algorithme donne exactement un bassin versant qui – si le filtrage a été efficace et le gradient correspond aux contours de la papille – coïncide avec la papille. Donc, le centre c peut être utilisé comme marqueur intérieur. Le marqueur extérieur est un cercle avec son centre dans c et un rayon qui correspond au diamètre maximal possible de la papille : même si l'approximation du centre se trouve plutôt au bord de la papille, le cercle reste entièrement à l'extérieur; ce qui est essentiel pour le fonctionnement de l'algorithme. Le gradient du canal rouge et le marqueur sont montrés dans la Figure IV.16 (d).

$$m(x) = \begin{cases} \rho p_3 & , \text{ si } x \in \{c\} \cup \text{Cercle}(c) \\ t_{\max} & , \text{ si } x \notin \{c\} \cup \text{Cercle}(c) \end{cases} \quad (\text{IV.14})$$

Ensuite la LPE est calculée et les bassins versants sont déterminés (comme il est illustré dans la Figure IV.16 (e)). La papille correspond au bassin versant qui contient c :

$$P_{fin} = BV_i[R_{\rho p_3}^*(m)] \quad \text{avec } c \in BV_i \quad (\text{IV.15})$$

Le résultat de l'algorithme est montré dans la Figure IV.16 (f).

La détection des contours de la papille dans le cas où le canal rouge est saturé : si le canal rouge est saturé, il ne contient évidemment pas d'information sur les contours de la papille. En réalité, cela est un problème de l'acquisition de l'image et il pourrait être résolu au moment où l'image est prise.

Pour pouvoir, malgré tout, traiter ce cas sans cette amélioration de l'acquisition, il faut d'abord identifier les images pour lesquelles le canal rouge est saturé dans la région papillaire. Soit f_r la sous-image centrée dans le centre approximatif c et soit $t_{\max}(f_r)$ la valeur de gris maximal dans cette sous-image. La saturation⁽¹⁾ S_α de f_r peut être évaluée à partir de l'image seuillée $T_{[t_{\max}(f_r) - \alpha, t_{\max}(f_r)]}(f_r)$:

$$S_\alpha = \frac{\# T_{[t_{\max}(f_r) - \alpha, t_{\max}(f_r)]}(f_r)}{\# T_{[0, t_{\max}(f_r)]}(f_r)} \quad (\text{IV.16})$$

¹ Il ne s'agit pas de la saturation de couleur comme il est défini dans l'annexe C.

Par le seuillage au niveau $t_{max}(f_r) - \alpha$, la papille ou seulement une partie est extraite. Les papilles les plus grandes de toutes les images qui ont été traitées dans ce mémoire couvrent environ 30% de la sous-image. Si S_α prend une valeur plus élevée que 0,4 pour $\alpha = 30$, le canal rouge est considéré comme étant saturé. Dans ce cas, au lieu de f_r , la luminance f_l est alors utilisée pour la détection des contours décrite dans le paragraphe précédent, bien que parfois elle ne permette pas la détection de toute la papille : notamment si le contraste est faible, il peut arriver que le gradient à l'intérieur de la papille soit plus élevé que le gradient de ses contours extérieurs.

La papille a été localisée correctement dans, quasiment, toutes les images. Dans les images où l'algorithme a échoué, il existe beaucoup d'exsudats ou d'autres lésions claires qui n'ont pas entièrement été enlevés par la reconstruction à partir des vaisseaux. En effet, le réseau vasculaire parcourt toute la rétine, et même si seule une partie est utilisée, il y a une certaine probabilité de reconstruire des lésions si elles sont très étendues. En revanche, pour les images de rétine saine, cet algorithme a donné des résultats satisfaisants.

La détection des contours de la papille fonctionne bien même dans des images où la papille n'est pas très bien contrastée. Par contre, dans certains cas, la papille apparaît avec un contraste tellement faible, que la méthode échoue : dans ce cas, il n'est pas possible de trouver les contours exacts et la papille doit être rapprochée par un cercle (ce qui n'est pas trivial non plus dans des images peu contrastées).

Dans notre cas, l'image de la rétine ne doit pas contenir de fortes anomalies, c'est pour cela que nous considérons que cet algorithme convient assez bien pour la localisation de la papille.

Pour déterminer le centre de la papille il suffit juste de calculer les coordonnées cartésiennes du barycentre de la papille comme suit:

$$P_x = \frac{\sum_1^{\# P_{fin}} x_i}{\# P_{fin}} \text{ et } P_y = \frac{\sum_1^{\# P_{fin}} y_i}{\# P_{fin}} \text{ avec } p_i(x_i, y_i) \in P_{fin} \quad (\text{IV.17})$$

Ayant calculé le centre du disque optique, nous allons passer à la détection de la fovéa (centre de la macula).

2. Le centre de la macula.

La macula est le troisième élément principal dans la rétine. Elle est le centre de la vision, l'endroit où la concentration de cônes est la plus élevée dans la rétine. C'est pour cela que sa détection a une grande importance pour des systèmes d'analyse automatique des images rétinienne.

Dans des images couleur de la rétine, la macula apparaît comme une tache sombre de taille assez importante. La concentration du pigment Xanthophylle dans la zone maculaire

est très élevée, ce qui fait qu'elle est relativement contrastée dans des images prises avec la lumière bleue (au laser argon bleu). La distance entre la macula et la papille peut être considérée comme relativement constante. Le centre de la macula est une zone non vascularisée, les vaisseaux l'entourent, mais ils n'y entrent pas : il s'agit de la *zone avasculaire centrale*, entourée par une arcade de capillaires. Cette arcade de capillaires définit des contours de la fovéa ; elle n'est pas visible dans des images couleur, mais dans des angiographies.

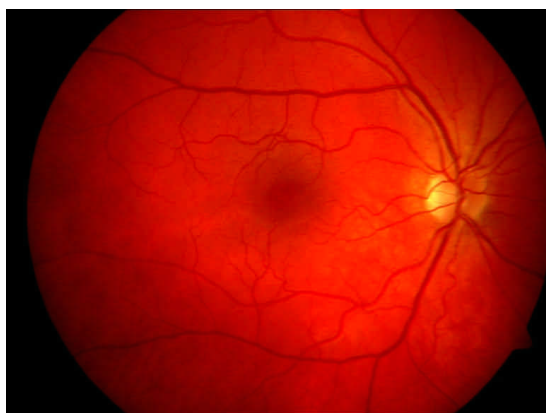
Dans les images rétiniennees utilisées pour la reconnaissance des individus, la macula est centrée, c'est-à-dire qu'elle ne se trouve pas au bord de l'image. Ce dernier point est important pour la conception de l'algorithme, parce que grâce à cela, il n'est pas nécessaire que l'algorithme contienne la décision sur la présence de la macula.

Pour compenser des différences de distance entre la macula et la papille, il est – selon de nombreux auteurs – possible de se servir du diamètre de la papille : selon [32] par exemple, la distance entre la fovéa (le centre de la macula) et la papille est environ 2.5 fois le diamètre de la papille. Malheureusement, cette règle n'a pu être confirmée pour notre ensemble d'images. Par contre, nous pouvons supposer que la distance entre la papille et la macula est comprise entre 170 et 240 pixels.

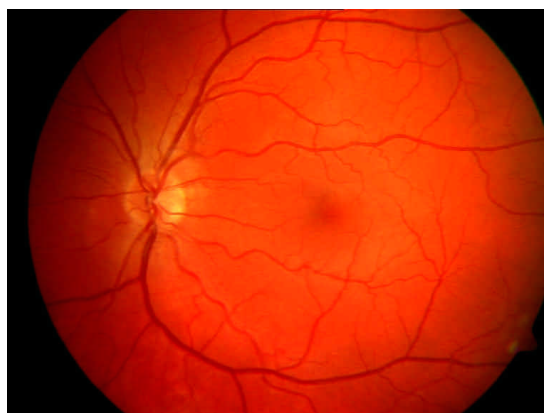
Bien que le diamètre de la tache sombre qui correspond à la macula puisse varier considérablement d'une image à l'autre, nous avons trouvé qu'il est toujours inférieur à 100 pixels dans des images 768x576.

Le contraste de la tache sombre est également très varié : dans les images montrées dans la Figure IV.17, cette différence de contraste est bien apparente. Dans la Figure IV.17 (a), la tache est bien contrastée, alors que dans la Figure IV.17 (b), elle est à peine visible. Ces différences de contraste représentent un problème majeur dans la détection de la macula.

Un autre problème est dû à la présence de lésions sombres et étendues qui doivent être distinguées de la macula.



(a) Une image couleur avec la macula bien contrastée.



(b) Une image couleur avec la macula à peine visible.

Figure IV.17 - Les différences de contraste de la macula dans les images rétiniennees [100].

i. Etat de l'art.

Malgré l'importance de la détection automatique de la macula, elle ne fait pas le sujet de beaucoup de publications. Dans [42], les auteurs proposent de calculer une décomposition pyramidale de l'image à l'aide des ondelettes. Le pixel le plus sombre de cette représentation de l'image est – selon les auteurs – l'endroit où se trouve la macula. Cela n'est, malheureusement, pas le cas si la macula n'est pas bien contrastée et si l'éclairage n'est pas uniforme.

Dans [89] et dans [90], les auteurs cherchent à trouver les contours de la fovéa dans les angiographies à la fluorescéine : dans les angiographies, le réseau vasculaire est beaucoup plus contrasté que dans les images couleur. Par conséquent, l'arcade de capillaires qui délimite la zone vasculaire centrale est visible, ce qui n'est pas le cas dans les images couleur. Les tâches ne sont alors pas comparables.

Dans [41], les auteurs proposent une méthode de détection de la fovéa dans des images au laser argon. Dans ces images, la fovéa est bien visible et bien contrastée. Les auteurs arrivent à extraire la région par des méthodes de seuillage tout en y incorporant des informations anatomiques (la fovéa a la même taille que le disque optique et elle se trouve à une distance connue du centre de la papille). Pour les images couleurs, cette approche ne fonctionne pas, parce que la fovéa est moins contrastée, et il peut y avoir des éléments plus sombres.

Dans [30], l'auteur a proposé un nouvel algorithme basé sur la détection du réseau vasculaire et du disque optique, que nous avons utilisé aussi et présenté dans les sections précédentes, et également sur la taille et la luminosité de la région maculaire. Nous avons choisi de continuer sur cette lignée pour localiser le centre de la macula. L'algorithme est décrit dans le titre qui suit.

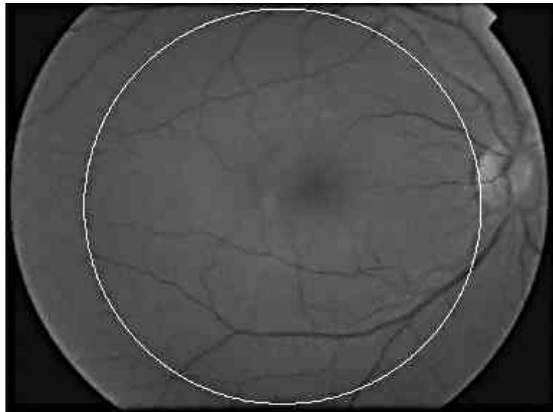
iii. Algorithme de l'extraction.

La première chose qu'à déterminé T. WALTER, dans [30], est la manière d'exploiter la couleur (comme dans tous les algorithmes pour des images couleur). Comme la concentration du pigment Xanthophylle dans la région maculaire est élevée, il serait logique de travailler sur le canal bleu [36]. En effet, la macula apparaît bien contrastée dans le canal bleu dans beaucoup d'images, mais dans certaines, l'information contenue dans le canal bleu n'est pas exploitable (ce qui est probablement dû à l'absorption de la lumière bleue par le cristallin surtout pour des individus âgés) : le canal de luminosité f_l permet de localiser la macula de manière plus fiable à moins que l'âge de la personne soit pris en considération.

❖ Le marqueur de la macula.

Le deuxième pas est l'exploitation de l'information sur l'endroit dans lequel la macula se trouve : elle n'est pas située en périphérie, et dans plusieurs images, elle n'est pas vraiment au centre, non plus. Nous supposons qu'elle se trouve à l'intérieur d'un cercle A centré sur

l'image et ayant un grand diamètre (450 pixels dans des images 768x567) comme montré dans la Figure IV.18(a).



(a) Le canal de luminosité et le cercle contenant la macula.

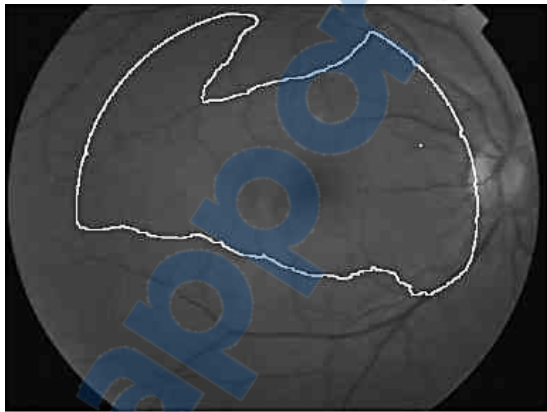


(b) L'intersection du cercle A avec le réseau vasculaire.

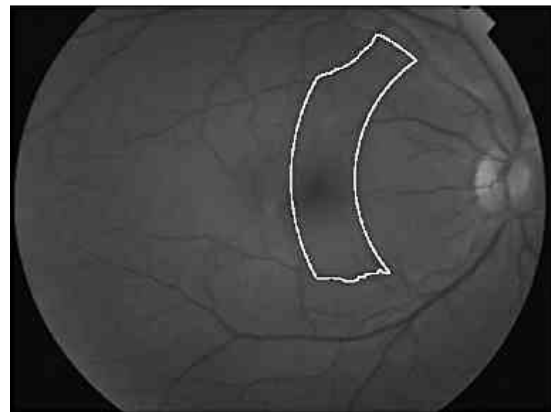
Figure IV.18 - Le cercle contenant la macula et son intersection avec le réseau vasculaire.

Considérons maintenant l'intersection de l'arbre vasculaire V avec ce cercle (voir aussi la Figure IV.18 (b)) : les vaisseaux le séparent en différentes composantes connexes dont une qui contient la macula. Celle-ci est forcément la plus grande, car elle est entourée par les vaisseaux : elle se trouve entre les deux branches principales, où la densité de vaisseaux est la plus faible (la macula est une zone non vascularisée). Il suffit alors de trouver la particule la plus grande pour déterminer la partie B du cercle « entre les branches principales » :

$$B = C_i \in C(A \cap V^c) \text{ avec } \# C_i > \# C_j \text{ pour } i \neq j \quad (\text{IV.18})$$



(a) La partie du cercle entre les branches principales.



(b) L'endroit approximatif où se trouve la macula.

Figure IV.19 - Un marqueur pour la macula.

avec $C(\cdot)$ l'ensemble des composantes connexes. La composante connexe la plus grande est montrée dans la Figure IV.19 (a). La distance entre la papille et la macula est entre 170 et 240 pixels environ, et la macula se trouve alors dans l'intersection de B avec un anneau centré dans le centre de la papille, d'un rayon intérieur de 170 pixels et un rayon extérieur

de 240 pixels. Avec cela, les informations sur l'endroit approximatif de la macula sont exploitées ; le résultat est visualisé dans la Figure IV.19 (b).

❖ **Localisation de la macula à l'aide de la fermeture par diamètre.**

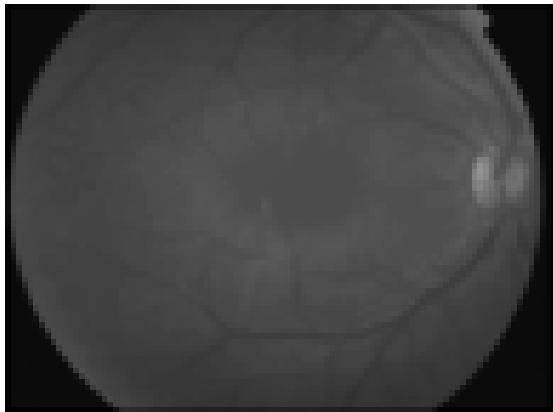
Sachant que la macula correspond à une région plus sombre et que son diamètre approximatif est connu, il suffit de calculer la fermeture par diamètre (présenté dans l'annexe A) et le chapeau haut de forme associé (décrit dans le chapitre 2), pour trouver la macula. D'abord, l'image est simplifiée par un filtrage avec une gaussienne et une fermeture morphologique :

$$m_1 = \phi^{sB}(\Gamma * f_l) \quad (\text{IV.19})$$

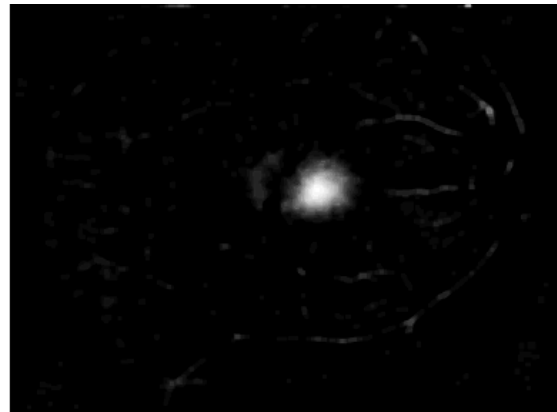
Ensuite, la fermeture par diamètre et son chapeau haut de forme associé sont calculés avec $\lambda = 100$:

$$m_2 = \phi_\lambda^\circ(m_1) - m_1 \quad (\text{IV.20})$$

Le résultat de la fermeture par diamètre est montré dans la Figure IV.20 (a) : la macula est complètement « remplie ». Le chapeau haut de forme associé est montré dans la Figure IV.20 (b).



(a) La fermeture par diamètre du canal de luminance.



(b) Le chapeau haut de forme associé.

Figure IV.20 - L'extraction de détails sombres dans l'image filtrée.

L'image m_2 contient tous les détails sombres qui n'ont pas été enlevés par la fermeture morphologique et qui sont ensuite extraits par le chapeau haut de forme associé à la fermeture par diamètre. Ensuite l'information sur la disposition entre macula, papille et réseau vasculaire est exploitée en calculant la reconstruction morphologique de m_2 à partir de B (Figure IV.21 (a)).

$$b(x) = \begin{cases} m_2(x) & , si \quad x \in B \\ t_{min} & , si \quad x \notin B \end{cases}$$

$$m_3 = R_{m_2}(b) \quad (\text{IV.21})$$

Cette image est enfin seuillée (avec un seuil fixe $\alpha = 3$). Le résultat du seuillage contient plusieurs composantes connexes. Parmi ces composantes connexes, nous choisissons celle pour laquelle le volume de m_3 est maximal :

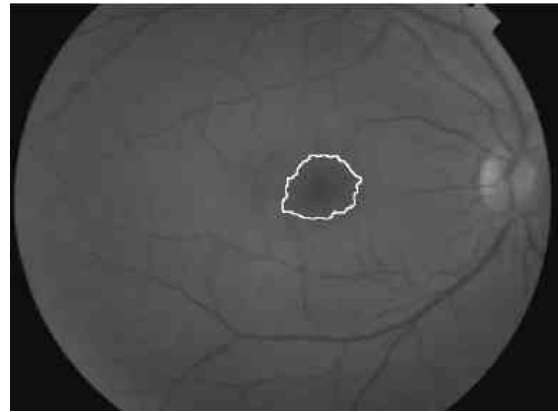
$$M = C_i \in \mathcal{C}(T_{[\alpha, t_{max}]}(m_3)) \quad \text{avec} \quad \sum_{x \in C_i} m_3(x) > \sum_{x \in C_j} m_3(x) \quad \text{pour } i \neq j \quad (\text{IV.22})$$

Le résultat M de l'algorithme est montré dans la Figure IV.21 (b). Les contours de cette région correspondent aux contours de la tache sombre dans l'image rétinienne, mais il ne s'agit pas des contours de la fovéa. Ceux-ci ne sont pas détectables dans des images couleur.

L'algorithme a détecté la macula dans la totalité des images sur lesquelles nous l'avons testé, même dans des images où elle apparaît sous un faible contraste.



(a) La reconstruction du chapeau haut de forme à partir du marqueur.



(b) Le résultat de la segmentation.

Figure IV.21 - La reconstruction du chapeau haut de forme à partir du marqueur et le résultat de la segmentation.

Comme on l'a déjà fait pour le centre de la papille dans l'équation (IV.17), pour trouver le centre de la macula, il faudrait calculer les coordonnées cartésiennes du barycentre de la macula :

$$F_x = \frac{\sum_1^{\#M} x_i}{\#M} \quad \text{et} \quad F_y = \frac{\sum_1^{\#M} y_i}{\#M} \quad \text{avec} \quad p_i(x_i, y_i) \in M \quad (\text{IV.23})$$

Les limites de cet algorithme ont été évoquées dans [30]. En effet, cet algorithme échoue complètement dans la détection de la macula dans des images rétinienne contenant de fortes anomalies, telles que les fortes exsudations de la région maculaire ou des cicatrices dues à un traitement laser. Ceci dit, nous nous sommes contentés dans notre étude de tester les algorithmes sur des images d'individus sains.

A présent, nous sommes prêts à générer le pattern qui servira à la comparaison.

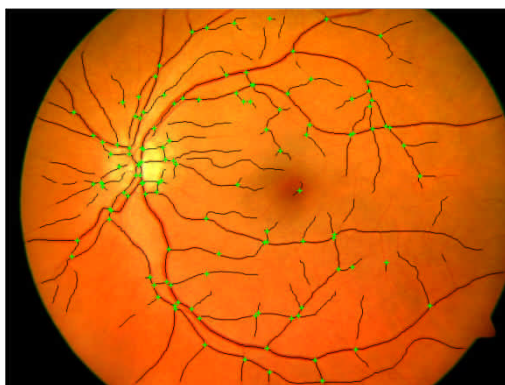
V. Génération de la signature.

Une fois les caractéristiques extraites, il ne nous reste plus qu'à générer la signature biométrique. Comme déjà expliqué au début de ce chapitre, le pattern utilisé dans ce mémoire pour l'étude de la comparaison des images rétinienne est basé sur les points de bifurcation et de croisement obtenu par les procédés d'extraction présentés dans les sections précédentes.

Dans un processus d'identification d'individus, que ce soit une vérification ou une reconnaissance, la génération de la signature se fait pour les deux images : l'image à reconnaître ou à vérifier et l'image référence (ou les images références dans le cas d'une reconnaissance).

Dans notre système biométrique, la signature va contenir les coordonnées cartésiennes (x, y) des points de bifurcations et de croisements, extraits précédemment, dans le repère de l'image. En plus de ces points, nous allons aussi enregistrer les coordonnées des deux points supplémentaires qu'on a extraits: la fovéa et le centre de la papille.

La signature biométrique, que nous utiliserons pour l'identification dans le chapitre suivant, n'est autre qu'une matrice à deux dimensions $(n \times m)$ avec $m = 2$ (colonne des x et colonne des y), et n : le nombre de points de bifurcations et de croisements, en plus des deux points de référence extraits (centres de la papille et de la macula) (Figure V.1).



(a) Résultat de l'extraction des caractéristiques (points rouges) superposée sur l'image.

	X	Y
1	200	40
2	200	30
3	200	20
4	120	40
5	80	40
6	400	80
7	100	80
8	60	80
9	200	120
10	600	100

(b) Echantillon de la matrice de la signature biométrique

Figure V.1 - Exemple d'une signature biométrique.

Dans des images de 768 x 576, les valeurs des coordonnées (x, y) des points sont des valeurs entières non signées (positives) qui ne dépassent pas 768 pixels, et, naturellement, un espace mémoire de 10 bits est suffisant pour coder chaque valeur. Comme les systèmes de codages utilisent des types d'entiers de taille multiple de 8, au lieu de 10 bits, nous devons utiliser 16 bits pour coder chaque valeur. Donc pour chaque point, $2 \times 16 = 32$ bits = 4 octets sont nécessaires pour stocker ces coordonnées. Dans une image rétinienne nous pouvons extraire un nombre de points caractéristiques ne dépassant pas 400 points [103].

En conclusion, la taille maximale d'une matrice en espace mémoire est de $4 \times 400 = 1600$ octets, équivalents à 1,5 Ko environ.

La taille d'une image couleur de la rétine complète en format compressé (JPEG) est de l'ordre de 60 Ko environ. Il est clair que l'idée d'utilisation des points caractéristiques comme signature biométrique est extrêmement intéressante, vu que la taille de l'information est considérablement réduite (d'environ 97%).

La comparaison des signatures biométriques générées sera discutée dans le prochain et dernier chapitre.

VI. Conclusion.

Nous avons présenté dans ce chapitre les différents algorithmes utilisés pour l'extraction des éléments principaux de la rétine. Une transformation par LPE contrôlée par un marqueur a été utilisée pour l'extraction du squelette du réseau vasculaire. Ensuite, nous avons appliqué une transformation de voisinage sur ce squelette pour la détection des points de bifurcation et de croisement des branches. Nous avons aussi présenté les méthodes morphologiques d'extraction des centres de la papille et de la macula. Finalement, nous avons constitué une matrice qui servira dans le processus de comparaison (*matching*).

Nous avons vu, à maintes reprises dans ce chapitre, que les algorithmes utilisés font face à la majorité de problèmes d'extraction des caractéristiques connus auparavant. Ces algorithmes ont donné d'excellents résultats pour des images de bonne qualité, et des résultats satisfaisants dans des images de qualité moyenne.

Cependant, nous n'avons pas évalué ces algorithmes d'une manière indépendante pour la simple raison que nous considérons la totalité des phases du système d'identification comme étant un bloc d'algorithme, et qu'il est plus judicieux, dans notre cas, d'évaluer les résultats obtenus à la fin de son exécution.

Cette évaluation fera l'objet de la dernière partie de notre prochain chapitre. Mais avant cela, nous allons voir d'abord comment recalibrer les patterns obtenus pour pouvoir les comparer et décider de leur correspondance à l'aide d'une mesure de similarité.

Chapitre 5

Comparaison & Evaluation

Sommaire

I. Introduction.....	106
II. Recalage d'images.....	107
a. Définition.....	107
b. Types de recalage.....	108
1. Recalage monomodal intra-patient.....	108
2. Recalage multimodal intra-patient.....	108
3. Recalage monomodal inter-patients.....	108
4. Recalage multimodal inter-patients.....	109
c. Structures homologues.....	109
d. Le modèle de transformation.....	110
1. Les transformations linéaires.....	110
2. Les transformations non-linéaires.....	113
e. Algorithmes de recalage.....	114
1. Algorithmes de recalage manuel.....	114
2. Algorithmes de recalage semi-automatique.....	114
3. Algorithmes de recalage automatique.....	115
III. Comparaison des signatures biométriques (<i>Matching</i>).....	117
1. Principe.....	117
2. Algorithme de <i>matching</i>	117
IV. Evaluation du système biométrique.....	119
a. Expérimentation.....	121
b. Résultats et interprétations.....	121
V. Evaluation de l'approche de classification.....	125
VI. Conclusion.....	127

Résumé

La dernière partie de notre travail concerne la comparaison entre les individus à travers leur signature rétinienne. Dans ce chapitre, est abordée une étape intermédiaire entre la génération et la comparaison des signatures : le recalage automatique des images. Ensuite, on élucidera les détails de l'épreuve de comparaison en décrivant l'algorithme appliqué sur une base d'images rétiniennes et on interprétera les résultats obtenus à l'issue de cette étape. Finalement, une évaluation de notre système de classification par biométrie sera évoquée et discutée en vue d'une éventuelle application dans les secteurs appropriés.

I. Introduction.

Après avoir terminé la phase d'extraction des caractéristiques des images rétinienne et établi la signature biométrique, la dernière étape de notre système d'identification concerne la comparaison entre ces caractéristiques. En d'autres termes, l'étude de correspondance de deux images consiste à mesurer la similarité entre les caractéristiques extraites de chaque image. Pour ce faire, il faudrait, tout d'abord, que ces images, ou plutôt ces caractéristiques, soient bien alignées pour pouvoir étudier leur similarité géométrique.

Cependant, dès que l'on possède au moins deux images représentant une même réalité physique, leur analyse conjointe n'est pertinente qu'à la condition d'employer le même référentiel spatial pour les comparer. Cette tâche connue sous le nom de recalage, constitue une étape indispensable dans de nombreuses procédures de traitement d'images médicales.

De manière quelque peu réductrice, le terme recalage est synonyme d'expressions telles que alignement ou appariement, puisqu'il assure l'estimation d'une transformation géométrique permettant la superposition spatiale des caractéristiques correspondantes entre les images.

Le recalage des images est un sujet central en imagerie médicale, utilisé dans beaucoup d'applications. Il consiste essentiellement à établir une relation géométrique entre les objets représentés par deux images. Bien qu'il ait bénéficié d'une attention particulière de la part des chercheurs, le recalage d'images pose toujours des problèmes non résolus. La multitude des applications touchées fait surgir de nouvelles questions, nécessitant le développement de techniques appropriées. Entre autres, A. FEROUÏ a dédié son travail [29] à l'étude de cette technique et de ces méthodologies en vue d'une interprétation des clichés rétiens. La présentation du recalage et la description de la méthode utilisée dans notre algorithme d'identification, seront le sujet de la première partie de ce chapitre.

Puis, nous entamerons la procédure de comparaison des patterns recalés. Cette procédure connue sous le terme de « *Template matching* » consiste à mesurer un degré de similarité entre deux patterns de la même nature. Dans notre cas les patterns sont formés d'un ensemble de points caractéristiques ; naturellement, leur degré de similarité va être calculé par rapport à la correspondance entre leurs points de bifurcation et de croisement.

Afin d'évaluer l'efficacité de notre système biométrique, nous allons tester notre algorithme d'identification sur un ensemble d'images de la base rétinienne ARIA [100].

Nous pourrions, alors, considérer ce système biométrique comme étant un système de classification automatique, et cette étape d'évaluation comme une phase d'apprentissage supervisé du système décisionnel. La base d'images va être divisée entre deux, la première partie servira à cette phase d'apprentissage et la deuxième au test du système de classification. Nous discuterons par la suite les résultats expérimentaux.

Avant cela, nous allons présenter cette dernière phase de l'algorithme d'identification en commençant par la description de l'étape intermédiaire de recalage des images.

II. Recalage d'images.

a. Définition.

Le recalage en imagerie médicale, semble avoir une importance considérable. Cela se comprend aisément, étant donné le nombre d'applications qui nécessitent de comparer des images médicales :

- La fusion d'information : des images de modalités différentes du même patient doivent être recalées.
- La mesure d'évolution : des images de même modalité du même patient, mais acquises à des instants différents, doivent être recalées.
- La comparaison d'individus : des images de même modalité, mais de sujets différents, doivent être recalées.
- La superposition d'atlas : des images de modalités différentes de sujets différents doivent être recalées.

La notion de recalage, telle que présentée dans [93], est associée à la définition d'une correspondance point-par-point, entre les coordonnées d'un point dans un espace à celle d'un autre point dans un autre espace (aussi appelé référentiel). Dans le domaine de l'imagerie médicale, cette notion se trouve renforcée par le fait que ces points correspondent tous à des points anatomiques.

Dès lors, un certain nombre de questions viennent à l'esprit :

- o *Quelles informations utiliser pour guider le recalage ?*
- o *Comment déformer une image ?*
- o *Comment définir la ressemblance entre deux images ?*
- o *Comment trouver la meilleure déformation ?*

De ce fait, qu'elle s'inscrive dans le cadre d'une application interactive ou automatique, une procédure de recalage suit généralement le même schéma et réclame la définition de certains critères à savoir :

- Extraction des structures homologues (appelées aussi attributs ou primitives) : Ce sont les caractéristiques, extraites des images, qui permettent de guider le recalage.
- Modèle de déformation : Il conditionne la manière dont l'image est géométriquement modifiée.
- Critère de similarité : Il définit une certaine distance entre les attributs des images afin de quantifier la notion de ressemblance.

- Stratégie d'optimisation : Elle permet de déterminer la meilleure transformation au sens d'un certain critère de similarité dans l'espace de recherche défini par le modèle de déformation.

Considérons le recalage d'une image I_{reca} sur une image de référence I_{ref} . Le problème de mise en correspondance des deux images consiste, à trouver la meilleure transformation T qui, à chaque point M de l'image de référence I_{ref} associe les coordonnées $T(M)$ dans l'image I_{reca} tel que:

$$T(M) = M + u(M) \quad (II.1)$$

avec u : le champ de déformation.

De nombreux articles, tels que celui de BROWN en 1992 [94] et MAINTZ en 1998 [95], dressent des états de l'art des méthodes de recalage existantes, qui ont été complétés récemment par ZITOVA en 2003 [96]. Ils s'attachent à réaliser une revue complète et à fournir une classification des méthodes et différents types de recalage employées dans le domaine de l'imagerie médicale.

b. Types de recalage.

Les critères cités auparavant, varient beaucoup en fonction de l'application recherchée. Nous pouvons distinguer quatre principaux types de recalage dépendant de l'application visée :

1. Recalage monomodal intra-patient.

Il correspond à un recalage d'images provenant du même patient et de la même modalité. Les images sont alors semblables du point de vue des intensités et ne comportent que peu de différences anatomiques. Ce type de recalage est utilisé pour le suivi des pathologies, des traitements, ou bien pour le contrôle postopératoire [97].

2. Recalage multimodal intra-patient.

Il vise à la mise en correspondance d'images de modalités différentes du même patient. Dans ce cas, les images sont alors différentes du point de vue des intensités, mais ne comportent pas de différences anatomiques. Ce recalage est appliqué essentiellement pour la fusion des informations provenant d'examen différents [98].

3. Recalage monomodal inter-patients.

Il concerne le recalage d'images de différents patients mais de même modalité. Dans ce cas, les images sont semblables mais comportent des différences anatomiques importantes. Une telle application pourrait être intéressante dans le cas des statistiques tenant compte de la variabilité anatomique d'une population, dans la construction d'atlas de modèles anatomiques ou même pour l'étude de pathologie au sein d'une population [104].

4. Recalage multimodal inter-patients.

Cette dernière catégorie comprend les méthodes ayant pour but de mettre en correspondance des images de divers patients acquises selon différentes modalités. Les images sont alors variées en intensité et comportent également des anatomies différentes [105].

Le Tableau II.1, présente quelques exemples d'applications rencontrées, nécessitant l'utilisation de méthodes de recalage d'images en fonction de la dualité modalité/patient.

Dans notre cas, le recalage utilisé pour la comparaison des images rétinienne est un recalage de type monomodal, inter-patients : des images de la même modalité (rétine) de personnes différentes sont recalées.

	Monomodal	Multimodal
Intra-patient	• Suivi de pathologie. • Suivi de traitement. • Contrôle post-opératoire.	• Segmentation des lésions. • Complémentarité entre les sources des images : ○ Confrontation anatomique : Anatomie/fonction. ○ Fusion des images provenant d'examens divers (IRM, EEG, MEG, ...) afin de localiser les différentes informations. • Planning thérapeutique et chirurgie assistée par ordinateur (recalage préopératoire).
Inter-patients	• Statistiques sur la variabilité • anatomique d'une population : - Recalage avec un atlas. - Normalisation spatiale. • Construction d'atlas (modèles). • Etude de pathologie au sein d'une population. • Reconnaissance biométrique	• Recalage d'atlas. • Cartographie fonctionnelle du cerveau humain (<i>Human Brain Mapping</i>). • Normalisation anatomo-fonctionnelle.

Tableau II.1 - Classement des applications selon leur type de recalage.

c. Structures homologues.

Les structures homologues sont des informations extraites des images qui servent de base pour le calcul de la transformation. Ces structures sont caractérisées par leur dimensionnalité (dimension de leur espace de description, au sens paramétrique du terme),

par la dimension de leur espace d'évolution (espace euclidien le plus souvent) et enfin par leur nature.

Dans notre cas, nous avons proposé un algorithme de recalage automatique des images rétiniennes (décrit dans une section ultérieure). Cet algorithme utilise comme structures homologues les points de références extraits dans le chapitre 4 : la papille et la macula.

d. Le modèle de transformation.

Différents types de transformations ont été proposés dans la littérature [106] ; nous distinguerons les transformations linéaires et les transformations non linéaires. Une distinction peut aussi être faite entre les transformations globales où toute l'image est transformée avec les mêmes équations (par exemple pour une fusion d'informations), et les transformations locales où les différentes régions de l'image ne sont pas déterminées de la même façon (par exemple pour une étude d'évolution de pathologie).

Le recalage de deux images entre elles consiste à définir la transformation permettant de mettre en correspondance un point d'une image avec le même point dans l'autre image. Nous présentons par la suite un certain nombre de transformations, classées selon la dimension de l'espace de recherche (qui correspond au nombre de paramètres à trouver ou encore au nombre de degrés de liberté).

Nous n'avons pas jugé utile de s'étaler sur ces transformations, une brève description, telle que nous l'avons trouvée dans la littérature [29], [104], [107], va être présentée dans ce qui suit.

1. Les transformations linéaires.

Les notations des paramètres utilisés dans les définitions suivantes sont définies dans un espace 2D comme suit :

Δx : la distance de translation sur l'axe des abscisses.

Δy : la distance de translation sur l'axe des ordonnées.

θ : l'angle de rotation dans l'espace 2D.

s : le facteur de redimensionnement ou mise à l'échelle.

i. La transformation rigide (isométrie).

$$T(M) = RM + t \quad (II.2)$$

Cette transformation combine des rotations et des translations, elle préserve toutes les caractéristiques géométriques (les angles, les surfaces et les longueurs, . . .) (Figure II.1). On ne fait que déplacer l'objet dans l'espace, en supposant qu'il ne se déforme pas (3

paramètres en 2D : $\Delta x, \Delta y$ pour la translation et l'angle θ de la rotation). Elle peut être calculée avec 2 points de contrôle.

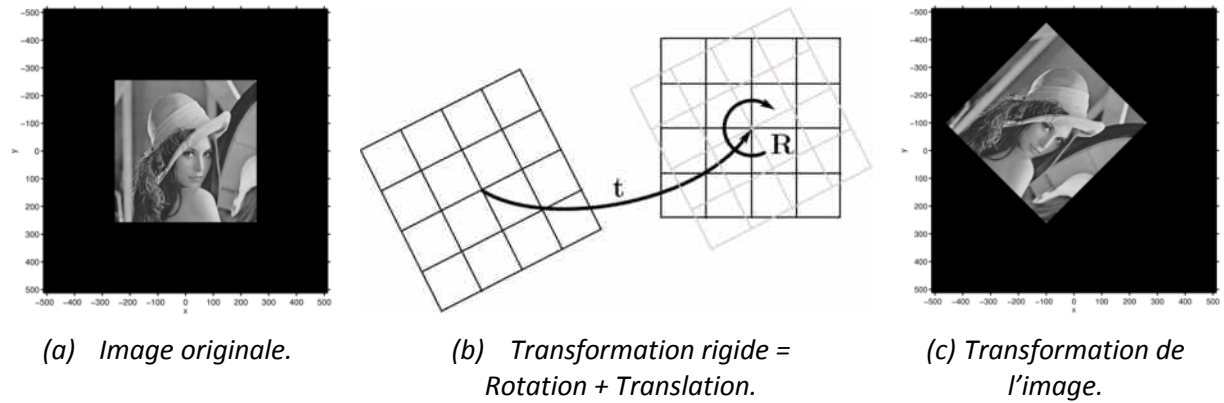


Figure II.1 - La transformation rigide (isométrie) [114].

Dans ce cas, $T(M)$ peut s'écrire : $RM + t$ où R est une matrice 3x3 de rotation (matrice de 9 éléments ne dépendant que des 3 paramètres de rotation) et t , un vecteur de translation.

ii. La transformation de similitude.

$$T(M) = sRM + t \quad (II.3)$$

Il s'agit d'une combinaison d'une translation, d'une rotation et d'un facteur d'échelle, elle conserve les angles et les rapports de longueurs (Figure II.2). (4 paramètres en 2D : $\Delta x, \Delta y$ pour la translation, l'angle θ de rotation et s le facteur de la mise à l'échelle). Elle peut être calculée avec 2 points de contrôle.

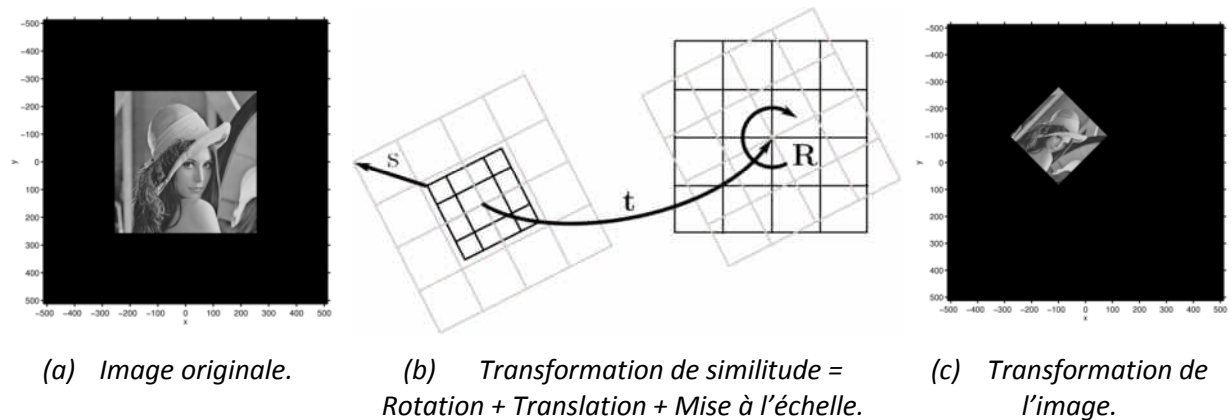


Figure II.2 - La transformation de similitude [114].

Dans ce cas, $T(M)$ peut s'écrire : $sRM + t$ où s est le facteur d'échelle, R , une matrice de rotation et t , un vecteur translation.

iii. La transformation affine.

$$T(M) = AM + t \quad (II.4)$$

On peut avoir ainsi des transformations de type : torsion, cisaillement. Le parallélisme, les rapports de surfaces et de longueurs, les coordonnées barycentriques sont conservées (Figure II.3). (6 paramètres en 2D : 4 pour la matrice de transformation linéaire non-singulière A (rotation, redimensionnement et inclinaison) et $\Delta x, \Delta y$ pour la translation). Trois points de contrôle sont nécessaires pour la calculer.

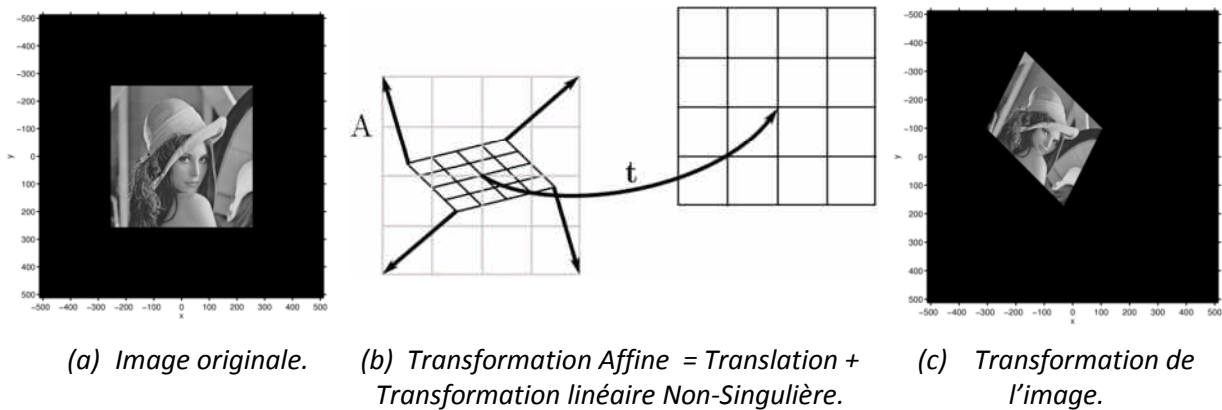


Figure II.3 - La transformation affine [114].

Dans ce cas, $T(M)$ peut s'écrire : $AM + t$ où A est une matrice 3x3 quelconque (les 9 éléments de la matrice sont autant de degrés de liberté) et t est un vecteur translation.

iv. La transformation projective.

$$T(M) = P(RM + t) \quad (II.5)$$

Cette transformation permet de prendre en compte les effets de perspectives dus à l'éloignement de l'objet visé (images acquises avec une caméra : satellite, vidéo) (Figure II.4). On distingue les projections parallèles et les projections perspectives : le modèle le plus utilisé est le modèle sténopé.

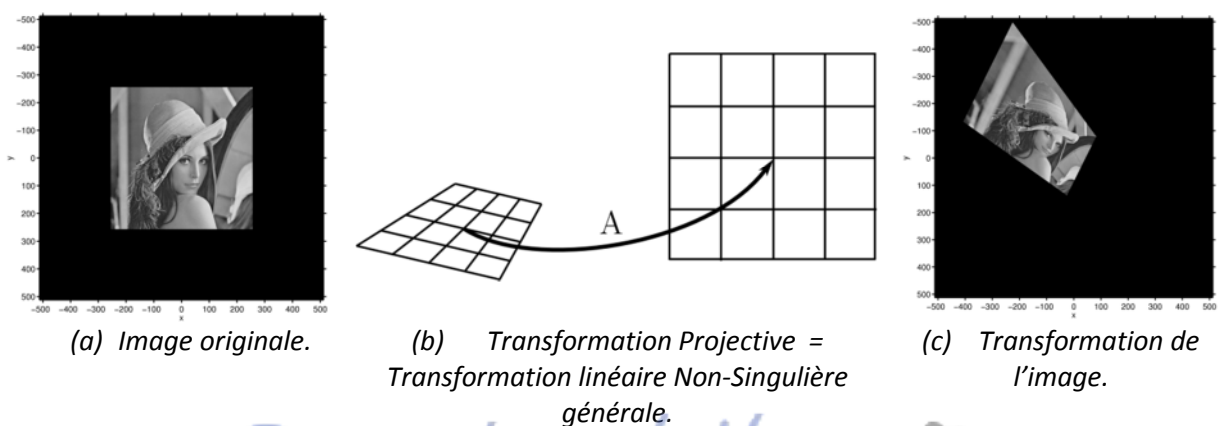


Figure II.4 - La transformation projective [114].

Les droites sont conservées, mais pas le parallélisme (8 paramètres en 2D, sachant que le nombre de paramètres dépend de la connaissance a priori du modèle de la caméra). Elle peut être calculée avec 4 points de contrôle.

2. Les transformations non-linéaires.

Ces transformations changent les droites en courbes. Le nombre de paramètres est variable selon le type de transformation retenu et est potentiellement important. Ces transformations peuvent être globales ou locales.

i. La transformation polynomiale.

La transformation est exprimée comme une combinaison linéaire de polynômes dont le degré est fixe a priori. Le nombre de paramètres dépend des points de contrôle et des nœuds. Si le degré N du polynôme vaut 1, on retrouve les transformations affines.

ii. La transformation libre.

$$T(M) = M + u(M) \quad (\text{II.6})$$

Les paramètres gouvernant la transformation dans une région de l'image n'influent pas sur une autre région de l'image. La transformation est définie par un vecteur $u(M)$ en chaque point (Figure II.5).

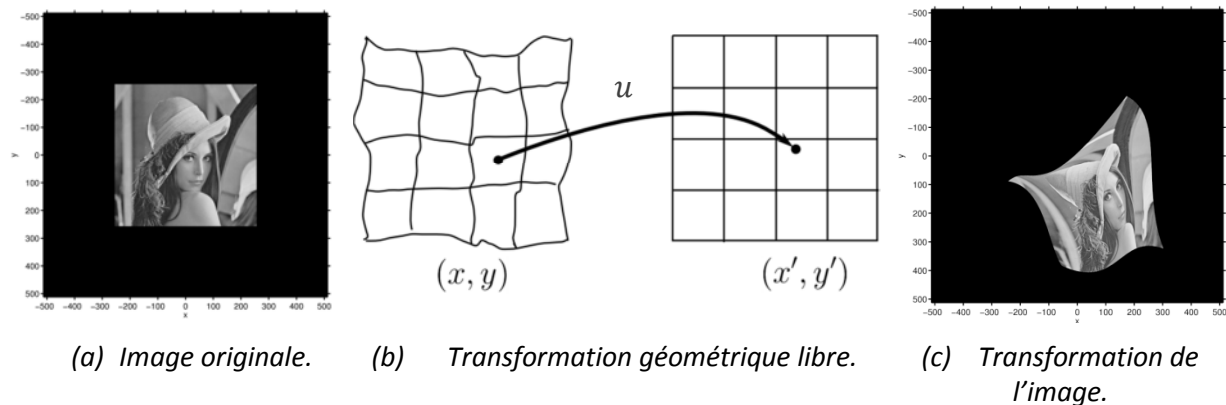


Figure II.5 - Les transformations libres [114].

S'il est possible, mathématiquement, de définir des transformations quelconques pouvant être très complexes, la difficulté va consister à trouver la meilleure transformation « réaliste ». Ce réalisme consiste par exemple à ne pas avoir une transformation non linéaire présentant de très grandes déformations. Pour pénaliser celles-ci, on ajoute typiquement un terme de régularisation de la transformation à la mesure de similarité à optimiser. Si ce terme de régularisation provient de la théorie de l'élasticité, on parlera alors de transformation élastique, s'il provient de la mécanique des fluides, on parlera alors de transformation fluide.

Les caractéristiques qui seront utilisées pour le recalage ainsi que le type de transformation à rechercher étant fixés, il nous faut trouver la meilleure transformation, c'est-à-dire celle qui va réaliser la superposition des images. Cela suppose de savoir comparer deux transformations entre elles, afin de pouvoir les classer. C'est le rôle des critères de qualité, aussi appelés mesures de similarité.

Les algorithmes définis dans le paragraphe suivant, seront limités à la famille des algorithmes de recalage géométrique de type point-à-point. Le critère de similarité d'une transformation dans ce genre d'algorithme est calculé à base de distance entre toutes les paires de point des deux images.

e. Algorithmes de recalage.

Le recalage d'image est un problème ardu, il a donc motivé de nombreux chercheurs. On a ainsi une grande variété de méthodes utilisées, sur des applications très différentes. La première remarque qui s'impose est la très grande spécificité des solutions trouvées : une méthode sera efficace pour l'application à laquelle est destinée, mais elle s'applique difficilement à un autre domaine sans une adaptation importante.

Différentes approches (manuelles/automatiques, géométriques/iconiques), plus ou moins complexes, ont été employées pour recaler les images rétinienne. La nature des images à recaler ainsi que les contraintes de temps de calcul ont orienté les recherches vers des solutions très diversifiées. Les méthodes développées pour recaler les images de la rétine peuvent être classées en trois familles: les méthodes séquentielles, les méthodes point-à-point et les méthodes élastiques.

Nous nous sommes contentés, dans ce mémoire, de présenter des algorithmes basés sur des méthodes point-à-point. Il en existe trois sortes d'algorithmes de recalage d'images rétinienne dans la littérature ([29], [107]) :

1. Algorithmes de recalage manuel.

C'est une méthode dans laquelle un opérateur utilise une interface graphique pour sélectionner quelques paires (quelconques) de points anatomiques similaires. Ces points doivent être sélectionnés avec le maximum de précision sur les deux images rétinienne pour les mettre en correspondance. L'algorithme de recalage utilisera alors ces paires comme points de contrôle.

2. Algorithmes de recalage semi-automatique.

Contrairement à un algorithme de recalage manuel, les points de contrôle sont choisis par un opérateur parmi un ensemble de points anatomiques extraits automatiquement. Nous prenons comme exemple les points de bifurcation du réseau vasculaire. Ces points sont extraits avec un algorithme automatique (comme celui décrit dans le chapitre 4), par la suite l'opérateur sélectionne les paires similaires dans les deux images qui vont guider le recalage.

3. Algorithmes de recalage automatique.

Les deux algorithmes précédents ne conviennent pas au recalage d'images dans un système automatique d'identification. Ceci est dû à la nécessité d'une intervention d'un opérateur tierce pour la sélection des points de contrôle. C'est pour cette raison que nous nous sommes intéressés, particulièrement, aux algorithmes de recalage automatique.

❖ *Etat de l'art.*

La plupart des travaux sur la rétine (ZANA [105], CIDECIYAN [106], PINZ [41] et HART [108]) utilisent une hypothèse de transformation rigide entre les images à recaler, considérant que les principales sources de "distorsion" sont uniquement dues aux variations relatives de la position des yeux par rapport à l'axe de la caméra (d'une image à l'autre, les angles de prises de vues ne peuvent être reproduits de manière précise). Récemment, des modèles plus élaborés ont été développés pour prendre en compte les erreurs dues à la projection de la rétine (surface sphérique) sur le plan [109].

Dans [91] les auteurs ont appliqué un algorithme pour le recalage des angiographies à la fluorescéine. Cet algorithme applique une transformation affine spéciale dite « des minima carrés » et une transformation Bayésienne de Hough pour la comparaison des points.

Dans [16] et [20], ORTEGA ET AL. utilisent une méthode de recalage basée sur une transformation de similitude en utilisant une combinaison de trois points de bifurcation comme points de contrôle. Cette combinaison est sélectionnée en fonction du meilleur score de *matching* des points obtenus parmi toutes les combinaisons (avec des restrictions pour limiter le nombre de cas possibles).

Ces algorithmes de recalage, et beaucoup d'autres [18], [24], [92], basés sur la sélection de la meilleure transformation parmi tous les cas possibles, sont très robustes en matière de précision, mais sont très onéreux en matière de temps, surtout s'ils ne sont pas contrôlés par des paramètres de restriction.

On notera qu'il est très fastidieux, étant donné la quantité de combinaisons possibles (cas d'application/algorithme), d'essayer tous les algorithmes de recalage qui existent dans la littérature. Nous avons donc fait un choix fondé sur l'analyse de notre problème et des problèmes voisins déjà résolus, confrontés aux possibilités qui s'offrent à nous.

Cependant, nous avons proposé une nouvelle approche de recalage automatique qui utilise des points de contrôle spécifiques. Cette approche a donné des résultats satisfaisants en matière d'efficacité et de coût dans notre cas d'étude.

❖ *Approche proposée.*

Deux images rétinienne de la même personne obtenues à différents moments seront probablement différentes en raison des mouvements oculaires. Nous pouvons constater une

variation de la géométrie des caractéristiques à l'intérieur de la rétine. Or, ces variations géométriques sont très modérées : les angles de rotations du globe oculaire sont très faibles lorsqu'un individu est face à la caméra d'acquisition et le facteur d'échelle varie légèrement selon la position de la personne vis-à-vis de l'objectif. La transformation considérée dans ce travail de recalage est la transformation de similitude, qui est un cas particulier de la transformation affine. La ST (« *Similitude Transformation* ») donne de bons résultats dans ce genre d'images, c'est un modèle très efficace par rapport aux autres modèles de transformation de plus haut niveau. Elle peut modéliser la translation, la rotation et l'isotropie (la mise à l'échelle) en utilisant les 4 paramètres : $\Delta x, \Delta y, \theta, s$. Elle est définie comme suit :

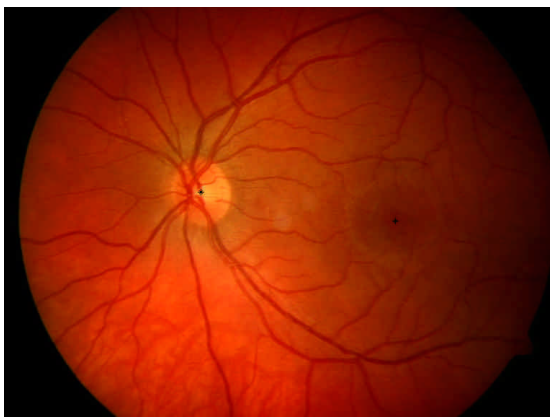
$$\begin{pmatrix} x_b \\ y_b \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} \Delta x & s \cos \theta & -s \sin \theta \\ \Delta y & s \sin \theta & s \cos \theta \end{pmatrix} \begin{pmatrix} 1 \\ x_r \\ y_r \end{pmatrix} \quad (II.7)$$

où (x_b, y_b) et (x_r, y_r) sont, respectivement, les coordonnées cartésiennes des points dans l'image de base et l'image à recalcer.

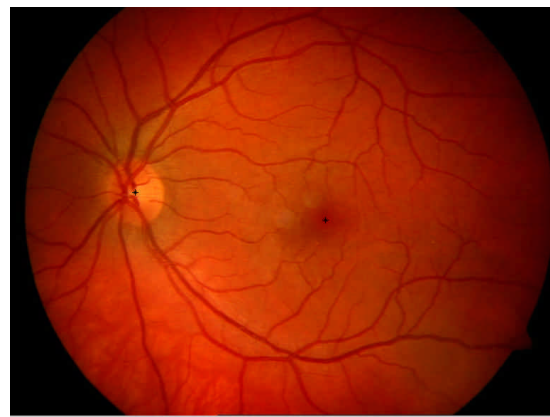
Cette transformation a besoin de 2 points de contrôle pour calculer ces 4 paramètres.

Nous proposons dans ce mémoire d'utiliser comme points de contrôle du recalage automatique par transformation de similitude, les deux points de référence extraits de la rétine dans le chapitre 4 : les centres de la papille et de la macula (Figure II.6 (a et b)).

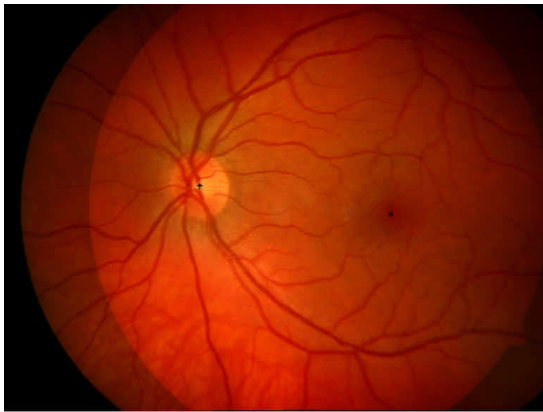
Nous avons testé cet algorithme sur deux images de la base ARIA [100] provenant de la même personne à des moments différents (Figure II.6). A priori, nous voyons bien dans la Figure II.6 (c) que cette méthode a donné des résultats très satisfaisants. Nous verrons par la suite, les résultats obtenus du calcul de similarité des patterns recalés avec cette méthode (comme montré dans la Figure II.6 (d)).



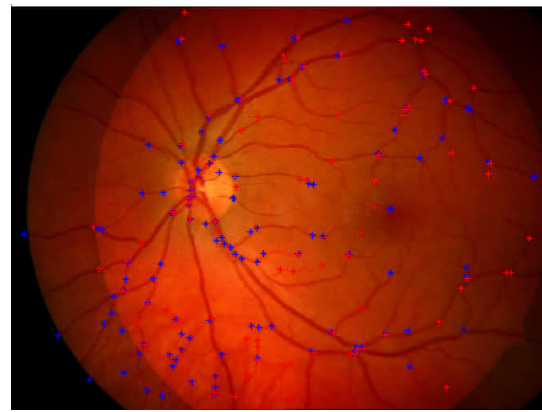
(a) Image d'une personne prise à l'instant t avec les points de contrôle (petits points noirs).



(b) Image de la même personne prise à l'instant $t + 1$ avec les points de contrôle (petits points noirs).



(c) Résultat du recalage des deux images (points de contrôle superposés).



(d) Résultat du recalage des patterns superposé sur les images recalées.

Figure 11.6 - Exemples d'application de notre algorithme de recalage sur des images de [100].

III. Comparaison des signatures biométriques (*Matching*).

1. Principe.

Une fois que les patterns sont recalés, nous allons procéder à une comparaison de ces patterns. Cette opération connue sous le nom : « *Template matching* (TM) » consiste à mesurer le degré de similarité entre deux patterns.

Dans l'état de l'art, nous avons vu que la plupart des algorithmes de recalage sont basés sur une méthodologie de « test-évaluation » des transformations possibles. Cette évaluation se fait en calculant le degré de similarité dans chaque transformation. Ceci dit, l'étape du calcul de critère d'évaluation du recalage est confondue avec celle de la comparaison des signatures.

Notre approche de recalage ne suit pas cette méthodologie (pour éviter le principe du test des multi-combinaisons), elle s'appuie sur une idée de transformation avec des points de contrôle fournis. C'est la raison pour laquelle une étape supplémentaire de calcul du degré de similarité est nécessaire afin d'étudier la correspondance entre les patterns.

2. Algorithme de *matching*.

Il existe plusieurs types d'algorithmes qui ont servi dans ce cas de figure. Nous avons choisi d'appliquer un algorithme simple de parcours de voisinage, qui a été utilisé aussi dans [23] et [24]. Le principe est de diviser chaque image en 8 x 8 sous-régions, puis, pour chaque point dans chaque région de l'image à vérifier, trouver le plus proche voisin dans la région correspondante ou une région voisine de l'image de référence. Cet algorithme procède comme suit :

Template Matching (T_1, T_2)

3. Initialiser la variable *Totalmatched* à 0.
4. Pour chaque sous-région S_1 dans le (*Template*) T_1 et la région correspondante S_2 dans T_2 appliquer les étapes de 3 à 8.
5. Initialiser la variable *Matched* à 0.
6. Pour chaque point d'intersection (bifurcation ou croisement) I_1 dans S_1 effectuer les étapes de 5 à 7.
7. Trouver le point d'intersection I_2 dans S_2 et ses sous-régions voisines, qui a la plus petite distance D_{min} avec I_1 .
8. Si $D_{min} \leq D_{th}^1$ et I_2 n'est pas déjà marqué, incrémenter *Matched*.
9. Marquer I_2 comme étant correspondu (*matched*).
10. $Totalmatched = Totalmatched + Matched$
11. Calculer le pourcentage de points d'intersections matchés avec l'équation :

$$PMatch = \frac{2 \times Total\ matched}{P_1 + P_2} \times 100$$

où P_1 et P_2 sont, respectivement, les nombre totaux de points d'intersection dans T_1 et T_2 .

12. Retourner la valeur de *PMatch*.

Nous répétons l'algorithme précédant en inversant les *templates*, c'est-à-dire : *Template Matching* (T_2, T_1).

Finalement, nous prenons le degré similaire le plus grand des deux TM:

$$\text{Degré de similarité} = \max\{\text{TemplateMatching}(T_1, T_2), \text{TemplateMatching}(T_2, T_1)\} \quad (\text{III.1})$$

Dans cet algorithme, la valeur D_{th} a une grande importance. Cette valeur représente le seuil de tolérance maximale de déplacement d'un point entre les deux images (l'image de référence et l'image à vérifier). Par observations, nous avons fixé ce seuil à une valeur de 10 pixels.

Le degré de similarité (ou bien le *Score*) obtenu par l'équation (III.1) représente le taux de correspondance en pourcentage des patterns, variant de 0 %, pour les patterns complètement différents, à 100 % pour les patterns parfaitement identiques.

C'est à partir de ce taux, et selon un certain seuil, qu'on va décider, dans notre système d'identification, si les deux images rétinienne correspondent à un seul individu (taux de similarité élevé entre les deux patterns) ou correspondent à deux individus différents (taux de similarité bas).

¹ D_{th} représente la valeur de tolérance maximale de déplacement d'un point entre les deux patterns.

IV. Evaluation du système biométrique.

A présent, nous allons évaluer notre algorithme d'identification des individus par les images rétinienues. Comme annoncé dans le chapitre 1, l'évaluation des systèmes biométriques se fait en traçant et étudiant des courbes spécifiques (ROC, DET et FAR Vs FRR). L'efficacité du système est mesurée par rapport au taux EER défini dans le premier chapitre. Cette évaluation nous permettra de déduire une bande de confiance qui pourra nous servir pour fixer le seuil de décision du système (correspondance ou non correspondance des patterns comparés).

Nous avons défini dans le premier chapitre les taux FAR et FRR comme suit :

- **FAR (False Acceptance Rate)** : taux de fausses acceptations, c'est le nombre en pourcentage d'imposteurs acceptés par rapport au nombre total d'imposteurs pour un certain seuil ¹.
- **FRR (False Reject Rate)** : taux de faux rejets, le nombre en pourcentage de clients rejetés par rapport au nombre total de clients pour un certain seuil.
- **La courbe FAR Vs FRR** : c'est la représentation des probabilités de fausses acceptations et des faux rejets par rapport au seuil. (Figure IV.1 (c))

Quatre paramètres (deux courbes et deux valeurs) ont été retenus de l'état de l'art [110], pour évaluer les performances d'un système biométrique :

- **La courbe ROC (Receiver Operating Characteristic)**: Cette courbe est utilisée pour représenter les performances des systèmes biométriques. Une courbe ROC trace, en fonction du seuil de décision, le pourcentage des tentatives d'imposture admises (c.-à-d. taux de fausses acceptations (FAR)) sur l'axe des abscisses, contre le pourcentage des tentatives légitimes acceptées (c.-à-d. $[1 - \text{taux de faux rejet (FRR)}]$) sur l'axe des ordonnées (Figure IV.1 (a)). La courbe ROC est indépendante du seuil, permettant la comparaison des performances de différents systèmes sous des conditions similaires.
- **La courbe DET (Detection Error Trade-off)** : Dans le cas des systèmes biométriques, la courbe DET est souvent préférée à la courbe ROC. En effet, la courbe DET trace les taux d'erreur sur les deux axes (FAR sur l'axe des abscisses contre FRR sur l'axe des ordonnées) en utilisant une normalisation de l'échelle (Figure IV.1 (b)). Elle distribue les valeurs d'une manière homogène et permet de comparer les performances de plusieurs systèmes de façon très claire [111].

¹ C'est le degré de similitude à partir duquel une correspondance est validée.

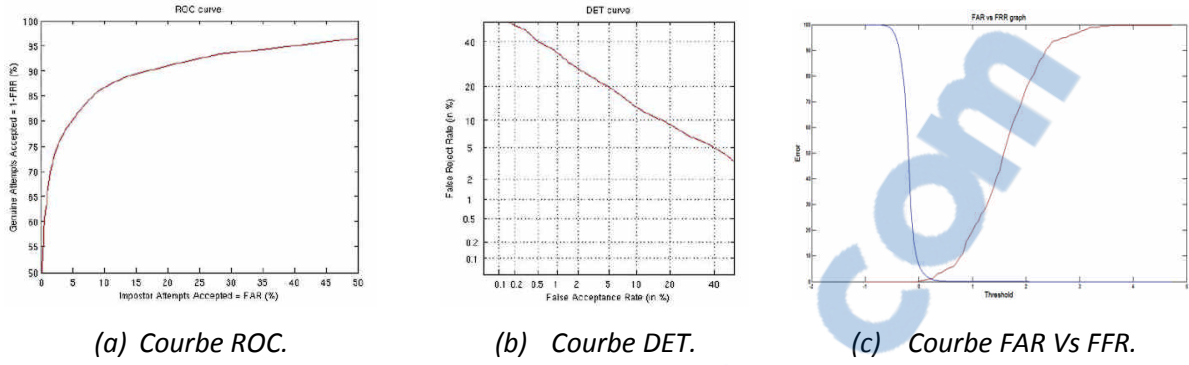


Figure IV.1 - Les courbes traditionnelles d'évaluation de performance des systèmes biométriques [112].

- **EER (Equal Error Rate)** : Le taux d'égalité d'erreurs représente le point où $FAR(t) = FRR(t)$ (Figure IV.2 (a)). En pratique, la distribution des scores n'est pas continue et le point d'intersection entre la courbe FAR et FRR peut ne pas exister. Dans ce cas (Figure IV.2 (a et b)), le EER est calculé comme suit :

$$EER = \begin{cases} \frac{FAR(t_1) + FRR(t_1)}{2} & , \text{ si } FAR(t_1) - FRR(t_1) \leq FAR(t_2) + FRR(t_2) \\ \frac{FAR(t_2) + FRR(t_2)}{2} & , \text{ sinon} \end{cases} \quad (IV.1)$$

où : $t_1 = \max_{t \in S} \{t \mid FRR(t) \leq FAR(t)\}$ et $t_2 = \min_{t \in S} \{t \mid FRR(t) \geq FAR(t)\}$ et S est l'ensemble des seuils utilisés pour calculer la distribution des scores.

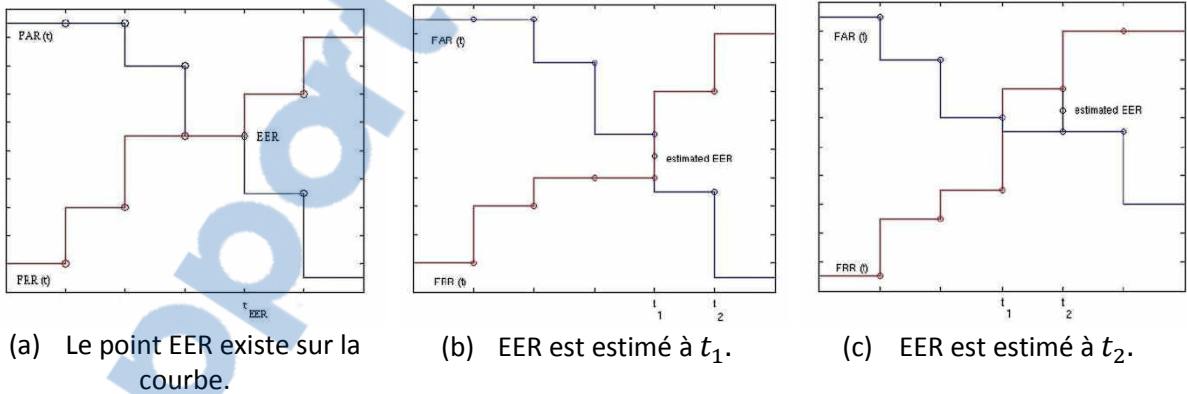


Figure IV.2 - La courbe FAR Vs FRR et les taux EER.

- **OP (Operating Point)** : En pratique, les systèmes biométriques opèrent avec un taux FAR très bas au lieu du EER afin d'assurer une haute sécurité. Ce point OP est défini en termes de pourcentage de FRR pour un taux FAR donné. La fixation de la valeur de FAR dépend du niveau de sécurité requis par le système d'identification. En pratique, le OP est calculé comme suit :

$$OP_{(FAR=\alpha)} = FRR(t_{OP}) \mid t_{OP} = \max_{t \in S} \{t \mid \alpha \leq FAR(t)\} \quad (IV.2)$$

où S est l'ensemble des seuils utilisés pour calculer la distribution des scores.

a. Expérimentation.

Pour évaluer la performance de notre système, nous avons choisi d'utiliser des images rétiniennes de la base ARIA [100] décrite dans le chapitre 3. Le choix de cette base reposait sur la variété des images (de sujets sains), vis-à-vis de leurs caractéristiques (couleur, contraste, luminance) et surtout sur la disponibilité de quelques échantillons pris de la même personne à des périodes différentes.

Nous avons pris une partie de cette base, pour cette phase d'évaluation, cet ensemble est constitué d'un total de 25 images : 5 images provenant de 5 personnes différentes, 4 images de 2 individus différents avec 2 échantillons de chacun, et pour augmenter le nombre d'images similaires nous avons ajouté 8 images différentes et 8 autres obtenues par une légère modification de ces dernières (rotation, translation, variation d'échelle). Cela nous donne, donc, un ensemble de 5 images différentes et 10 paires d'images similaires.

Afin d'évaluer le système, nous avons comparé ces images entre elles et calculé le degré de similarité entre chaque paire d'images. Nous avons procédé, alors, à un total de 25×25 itérations (ou plus exactement $[(25 \times 25 - 25)/2]$ en éliminant les combinaisons redondantes et réflexives, ce qui nous fait un total de 300 itérations).

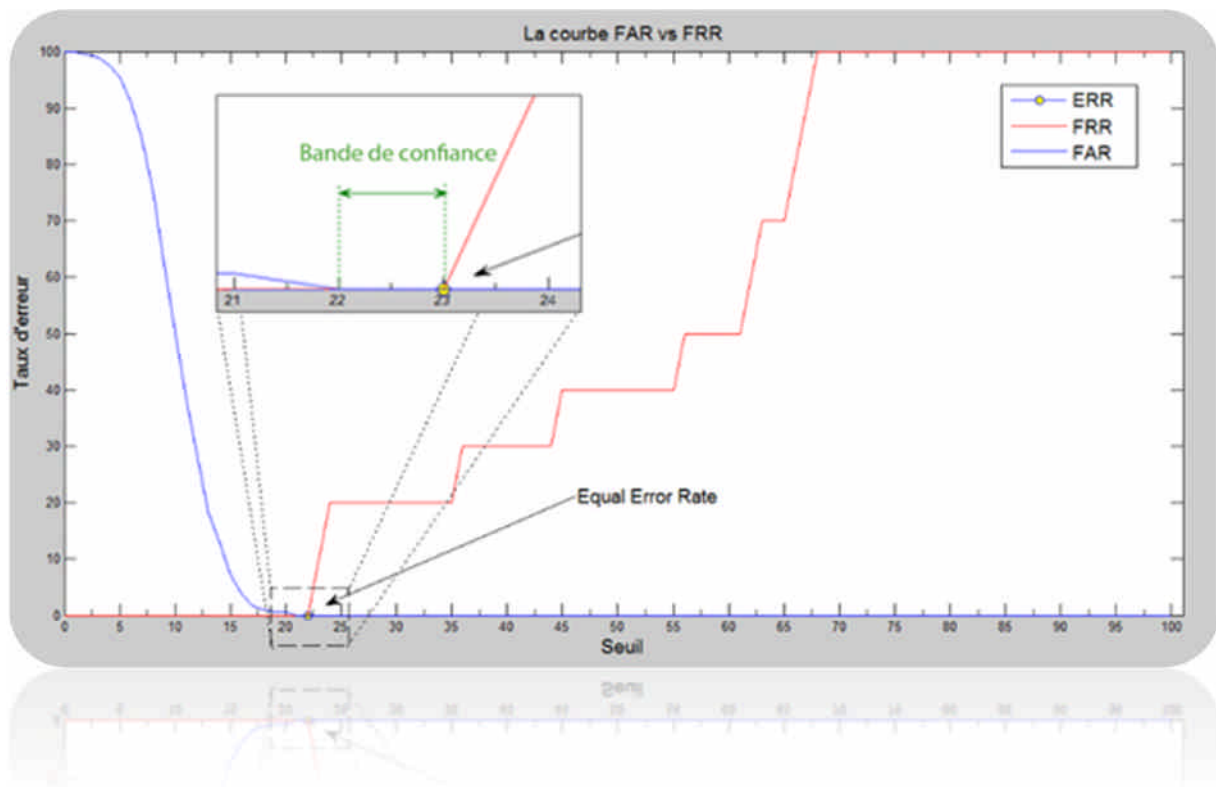
Pour ce faire, nous avons implémenté cet algorithme sous un environnement MATLAB (qui est un outil très puissant de calcul matriciel et de traitement d'images). Nous l'avons exécuté sur un ordinateur portable équipé d'un micro-processeur *Intel Core 2 Duo* d'une fréquence de 2 Ghz, et d'une mémoire RAM de 3 Go. Le traitement a duré 1h, 12mn et 10s pour une durée moyenne de 15s environ par itération.

b. Résultats et interprétations.

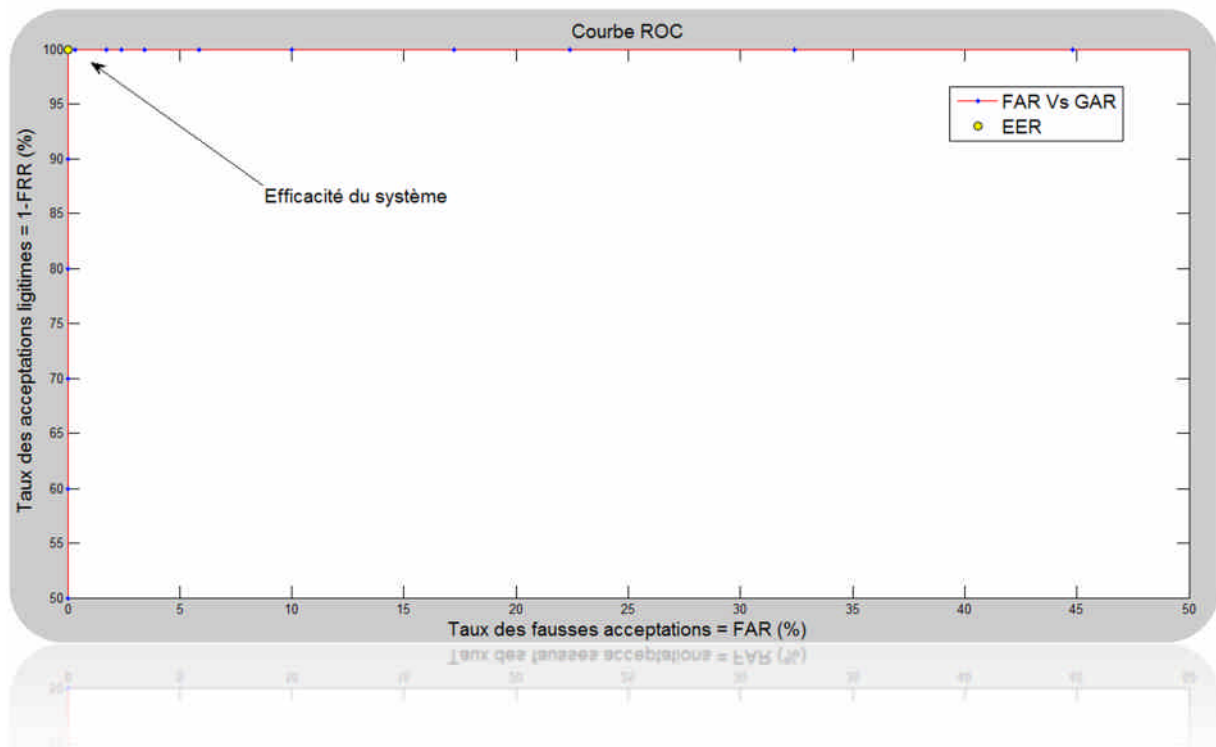
A la fin de l'exécution de l'algorithme d'évaluation, nous obtenons deux vecteurs de scores : le vecteur *Clients* qui contient les 10 degrés de similarité entre les images semblables et le vecteur *Imposteurs* pour les cas de non correspondance (un vecteur de 290 scores). Il faudrait noter que nous avons précisé à cet algorithme l'ensemble des combinaisons d'images correspondantes.

A l'aide de ces deux vecteurs, nous avons calculé les taux FAR et FRR puis, nous avons tracé les courbes. Les résultats sont représentés sur les courbes de la Figure IV.3.

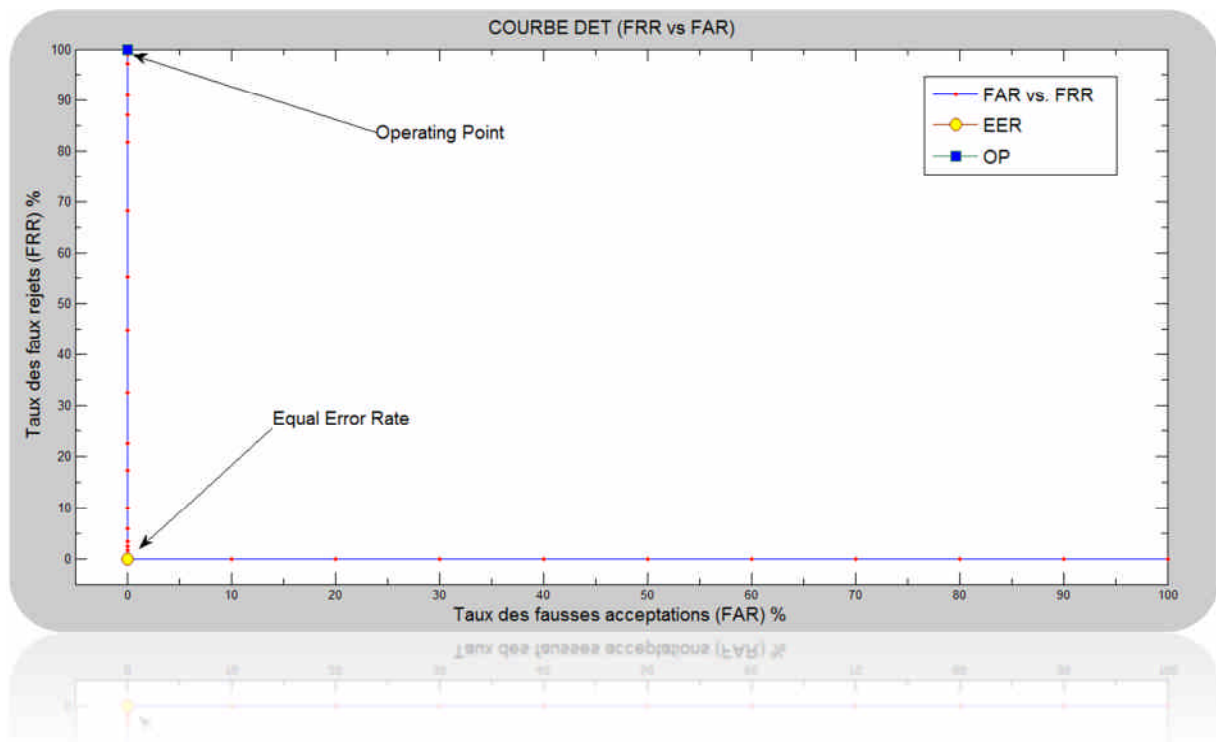
La première chose qui attire l'attention dans ces résultats, c'est la séparation parfaite entre les deux classes : Clients, Imposteurs. En effet, dans la Figure IV.3 (a) qui représente le FAR et le FRR, nous voyons bien que la probabilité d'avoir un seuil qui produit un faux rejet et une fausse acceptation est nulle. En d'autres termes, nous pouvons obtenir un système d'identification parfait avec un seuil dans la bande de confiance représenté dans la même figure (de 22 à 23%).



(a) La courbe FAR vs FRR.



(b) La courbe ROC (GAR Vs FAR).



(c) La courbe (DET FRR Vs FAR).

Figure IV.3 - Courbes obtenues par l'algorithme d'évaluation.

De la courbe ROC (Figure IV.3 (b)), nous pouvons déduire que l'efficacité du système est égale à 100% (100% d'acceptations légitimes pour 0% de faux rejets). Naturellement, si nous choisissons un seuil dans la bande de confiance, notre système d'identification opère sans aucune erreur.

Et enfin, la courbe DET (Figure IV.3 (b)) nous fournit un EER nul, et un point OP, pour un FAR nul, égal à 100%.

Nous pouvons déduire de ces résultats que le système d'identification par la rétine est un système très fiable comparativement aux autres systèmes biométriques. Il permet une parfaite séparabilité des classes clients et imposteurs. Ceci dit, malgré une bande de confiance très étroite par rapport à celles d'autres travaux de la littérature, nous considérons les résultats obtenus comme satisfaisants. Cela est normal, les scores de la classe clients sont un peu faibles, comparés aux résultats d'autres travaux, à cause de la forte présence de faux positifs.

Il est possible d'optimiser cet algorithme en éliminant quelque faux positifs. Par exemple, en redéfinissant les points de croisement des branches du réseau vasculaire rétinien, qui ne sont souvent pas représentés en un seul point mais en deux. Ce phénomène est dû au fait que l'axe médian des deux branches ne se croisent pas parfaitement sur un point, comme

représenté dans la Figure IV.4. Donc, par l'algorithme d'extraction des points, au lieu d'un seul point de croisement, nous obtenons deux points de bifurcation.

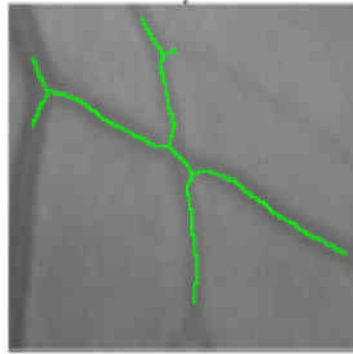
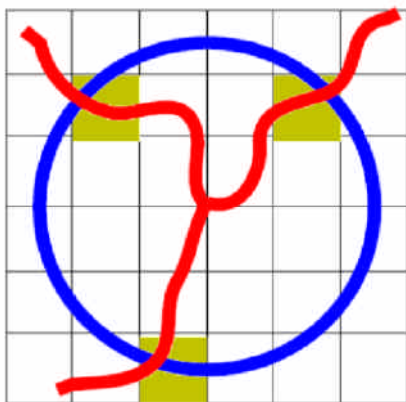


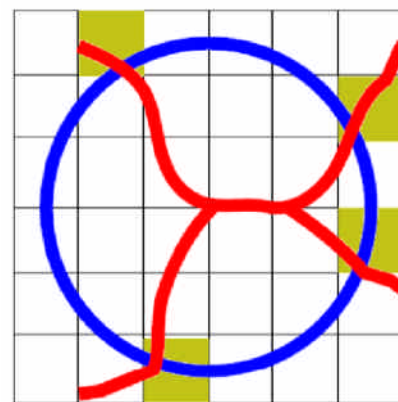
Figure IV.4 - La représentation réelle des points de croisement [16].

Pour remédier à cela, Ortega a proposé dans [16] une méthode de fusion des points de bifurcation produits par un croisement de branches. L'idée est de fusionner deux points avec les critères suivants (Figure IV.5 (b)):

- La distance entre les deux points est inférieure à un certain seuil.
- Ils possèdent trois voisins au juste.
- Une circonférence, centrée sur le milieu du segment des deux points d'un rayon donné, doit croiser exactement quatre branches.



(a) Point de bifurcation normale.



(b) Deux points de bifurcation produits par un croisement.

Figure IV.5 - Détection et fusion des points de bifurcation produits par un croisement [16].

Les deux points sont alors fusionnés en un seul point positionné au milieu du segment de la droite tracée par les deux points.

En effet, cette technique peut éliminer un grand nombre de faux positifs. Or, c'est une approche point-par-point qui nécessitera un algorithme qui va parcourir tous les couples de point d'un pattern, ce qui va être très coûteux en temps de traitement et va alourdir l'algorithme d'extraction. Pour cette raison, nous n'avons pas jugé utile de l'essayer, et nous nous sommes contentés d'un système robuste en termes d'efficacité et de rapidité.

V. Evaluation de l'approche de classification.

Partant de son principe, un système biométrique d'identification est un système de classification des individus en deux classes distinctes : les clients et les imposteurs. Tout procédé d'identification passe par deux étapes :

- **L'enrôlement** : cette étape consiste à la constitution de la base de référence, en enregistrant le *template* du trait biométrique correspondant à chaque individu.
- **L'identification** : elle peut avoir deux formes :
 - **Vérification** : où on vérifie la correspondance entre la signature fournie, et une autre signature de la base de référence, correspondant à l'identité prétendue.
 - **Reconnaissance** : une signature est fournie au système qui va devoir chercher la meilleure correspondance entre cette signature et celles enregistrées dans la base et déduire l'identité appropriée.

Les systèmes de classification comportent deux phases d'évaluation : la phase d'apprentissage qui permet d'optimiser les paramètres, et une phase de test pour évaluer les performances du système. L'évaluation de la performance des systèmes de classification est basée sur les quatre paramètres suivants (Tableau V.1) :

	<i>Client</i>	<i>Imposteurs</i>
Acceptation	VP	FP
Rejet	FN	VN

- **Vrais Positifs (VP)** : Nombre de clients acceptés.
- **Faux Négatifs (FN)** : Nombre de clients rejetés.
- **Faux Positifs (FP)** : Nombre d'imposteurs acceptés.
- **Vrais Négatifs (VN)** : Nombre d'imposteurs rejetés.

Tableau V.1 Tableau des paramètres de la validité intrinsèque d'un système [113].

La validité d'un système de classification est déterminée à partir des deux mesures intrinsèques:

- **Sensibilité** (aussi appelée Fraction de Vrais Positifs): proportion d'individus positifs effectivement bien détectés par le test. Autrement dit, la sensibilité permet de mesurer à quel point le test est performant lorsqu'il est utilisé sur des individus positifs (Clients). Le test est parfait pour les individus positifs lorsque la sensibilité vaut 1, équivalent à un tirage au hasard lorsque la sensibilité vaut 0.5. S'il est inférieur à 0.5, le test est contre-performant et on aurait intérêt à inverser la règle

pour qu'il soit supérieur à 0.5 (à condition que cela n'affecte pas la spécificité). La définition mathématique est :

$$\text{Sensibilité} = \frac{VP}{(VP + FN)}.$$

- **Spécificité** (aussi appelée Fraction de Vrais Négatifs): proportion d'individus négatifs effectivement bien détectés par le test. Autrement dit, la spécificité permet de mesurer à quel point le test est performant lorsqu'il est utilisé sur des individus négatifs (Imposteurs). Le test est parfait pour les individus négatifs lorsque la spécificité vaut 1, équivalent à un tirage au hasard lorsque la spécificité vaut 0.5. S'il est inférieur à 0.5, le test est contre-performant et on aurait intérêt à inverser la règle pour qu'il soit supérieur à 0.5 (à condition que cela n'affecte pas la sensibilité). La définition mathématique est :

$$\text{Spécificité} = \frac{VN}{(VN + FP)}$$

Dans notre cas, la phase d'apprentissage supervisé nous a permis de calculer une bande de confiance et de fixer le meilleur seuil de décision dans cet intervalle de confiance (23 % pour notre algorithme).

Nous avons alors procédé à un test du système de classification avec la deuxième partie de la base d'image ARIA [100]. C'est un autre ensemble de 15 images (différentes des premières): 5 images différentes, 2 images d'une même personne, prises à différents moments, et pour augmenter le nombre de clients nous avons ajouté, de la même manière qu'en apprentissage, 4 images avec leurs 4 transformations (géométriques).

Nous avons implémenté un algorithme qui compare ces images entre elles et avons calculé les paramètres cités précédemment (VP, VN, FP et FN). Pour un nombre total d'itérations de 105 ((15x15-15)/2), l'exécution sur la même machine de l'apprentissage a duré environ : 16m 44s, avec une moyenne de 5s pour chaque itération.

Les valeurs obtenues sont représenté dans le Tableau V.2 .

VP	VN	FP	FN	Sensibilité	Spécificité
5	100	0	0	100 %	100%

Tableau V.2 - Tableau des résultats du test de performance.

Les résultats sont très clairs, pour un seuil dans la bande de confiance, notre système d'identification par la rétine est un système de classification parfait. Il agit d'une manière très commode avec les clients (100% de sensibilité) et très efficace contre les impostures (100% de spécificité). Il assure une parfaite séparabilité des classes et préserve un rapport maximal de sécurité/commodité.

VI. Conclusion.

Nous avons décrit dans ce chapitre la dernière étape d'élaboration du système d'identification rétinien. Nous avons abordé le recalage des images rétiniennes en proposant une nouvelle approche basée sur une transformation de similitude avec comme points de contrôle seulement les deux points de référence extraits de la rétine, à savoir : les centres de la papille et de la macula.

Par la suite, nous avons présenté l'algorithme de *matching* utilisé pour calculer le degré de similarité entre deux patterns rétiniens, basé sur un parcours point-par-point des points de bifurcation et de croisement.

Une évaluation de notre système a été effectuée sur une base d'images, et les scores obtenus nous ont permis de tracer les courbes d'évaluation. Depuis ces courbes nous avons pu déduire que le système opère avec une parfaite efficacité dans la séparation des deux classes clients et imposteurs.

Certes, les algorithmes d'extraction ont donné de bons résultats, mais n'empêche qu'une simple analyse visuelle permet de constater une certaine différence entre les résultats d'une extraction automatique des caractéristiques et ceux d'une extraction manuelle par des experts (les résultats fournis avec la base d'images). Nous concluons, donc, que le système d'identification par la rétine est un système très robuste, malgré les accumulations d'erreurs durant les étapes du processus d'extraction.

Finalement, les résultats obtenus dans notre étude, ont été très convaincants. Mais ces derniers ont été réalisés en appliquant notre système d'identification sur une base d'images « aménagée » et non pas une base totalement réelle. Ceci est dû au fait que nous n'avions pas à notre portée une base d'images qui contient plusieurs échantillons d'un même individu ; nous avons donc dû improviser en ajoutant des images transformées manuellement (en gardant la similarité) afin d'augmenter le nombre de clients pour la procédure d'évaluation.

Comme perspective à ce travail, nous proposons de tester cet algorithme sur une base d'images réelle qui dispose d'une variété de plusieurs échantillons de la même personne.

Conclusion et Perspectives

La biométrie par la rétine est une technique très fiable mais moins répandue que les autres à cause de son caractère invasif dans l'acquisition de l'image rétinienne, résolu par les nouveaux dispositifs d'acquisition. Dans ce mémoire un système d'identification automatique basé sur le réseau vasculaire est présenté. Un modèle biométrique est conçu et extrait, et un algorithme de matching est développé pour comparer les modèles. Les résultats expérimentaux obtenus dans ce travail prouvent que le système est performant pour l'usage de cette technique biométrique même dans des environnements de haute sécurité.

La convenance de l'arbre vasculaire rétinien en tant que caractéristique biométrique a été évaluée et examinée, depuis longtemps lors des études médicales, et l'utilisation d'une première méthodologie d'authentification basée sur la structure arborescente du réseau entier en tant que modèle biométrique. Une fois que la convenance a été prouvée, un modèle plus compact a été conçu, ce qui réduit les conditions de stockage et, en même temps, réduit le calcul de la correspondance. Au lieu d'employer une image de la structure arborescente du réseau (plis), des points caractéristiques ont été extraits, c.-à-d. des bifurcations et des croisements, et ont été utilisés en tant que nouveau modèle. Ainsi, des individus peuvent être sûrement caractérisés par un ensemble réduit de points caractéristiques de leurs rétines.

Une approche morphologique a été proposée pour l'extraction des caractéristiques. Ces algorithmes d'extraction ont donné des résultats satisfaisants. Dans la phase de matching un recalage est effectué sur les images à comparer, afin de pouvoir calculer la distance entre les points similaires et déterminer le degré de correspondance. Nous avons proposé une nouvelle méthode de recalage basée uniquement sur deux points de contrôle : les centres de la papille et de la macula. Cette méthode est plus rapide et a donné des résultats aussi pertinents que ces prédécesseurs. L'algorithme de matching prend en considération les facteurs d'atténuation externes dans l'acquisition des images (changement des conditions d'illumination...). Il utilise une méthodologie des voisins locaux et l'information topologique pour le calcul du degré de similarité. Cette méthode a obtenu une meilleure performance que les approches précédentes. C'est, particulièrement, important dans le domaine de la biométrie, car la plus grande spécificité possible est exigée pour éviter de une mauvaise classification des points, qui mènera à une fausse acceptation ou à un faux rejet.

Une évaluation classique a été effectuée sur une base de données d'images rétinienne, afin d'examiner les performances de notre système d'identification. Elle nous a permis de constater que ce système opère avec une efficacité totale dans un intervalle de décision selon le score. Nous avons, par la suite, choisi le meilleur seuil dans cette bande de confiance.

Ce système biométrique doté d'un seuil de décision joue un rôle de classifieur automatique. Nous avons jugé utile de tester sa performance dans la classification des individus en deux catégories différentes : les clients et les imposteurs. Avec une sensibilité et une spécificité de 100%, on ne peut que constater la robustesse de ce système biométrique dans la séparation parfaite entre ces classes.

Certes, l'étude que nous avons faite s'est portée beaucoup plus sur l'aspect conceptuel du système biométrique rétinien, que sur son application sur le terrain.

Comme perspectives, nous proposons d'étudier le comportement de ce système dans une application en temps-réel, c'est-à-dire sur des images rétinienne acquises directement des individus. Il serait très intéressant aussi de tester des méthodes de parcours de la base de données, dans le cas d'une identification par reconnaissance, afin de réduire le temps de recherche dans la base (utiliser une technique d'indexation).

Dans le domaine de caractérisation de la rétine, il y a beaucoup d'alternatives envisageable pour la conception du modèle biométrique, telles que l'utilisation des coordonnées polaires des points de bifurcation au lieu des coordonnées cartésiennes, ou bien, utiliser les angles entre les branches du vaisseaux au lieu des coordonnées des points, ou, carrément, la fusion de ces modèles,...etc. Une étude de ces techniques pourrait s'avérer utile dans le but d'optimiser la précision de ce système.

Finalement, et comme tout système biométrique, la reconnaissance par la rétine a ses propres limites. En effet, le long de notre mémoire nous avons supposé que les images sur lesquelles nous appliquons ses algorithmes devaient provenir de sujets sains. Une étude de l'aptitude du système à identifier des individus présentant une anomalie au niveau de la rétine, due à une malformation ou à des rétinopathies, doit être effectuée.

Annexe A

Complément des outils morphologiques

Dans cette annexe, nous présentons les outils morphologiques qui ont été utilisés au cours de ce mémoire, en complément du chapitre 2, et qui sont assez généraux pour pouvoir s'appliquer à d'autres domaines qu'au seul traitement des images rétinienne. Nous présentons l'ouverture par diamètre, telle qu'elle a été présentée par WALTER dans [30], qui permet d'extraire d'une image des objets selon leur extension maximale. Ensuite, nous présentons des algorithmes rapides pour le filtrage des squelettes applicables à des images binaires et à des images à teintes de gris.

I. L'ouverture par diamètre.

Cette opération permet d'extraire, d'une image binaire, les composantes connexes avec une extension maximale supérieure ou égale à un paramètre λ . Il s'agit d'un opérateur croissant qui, par conséquent, peut également être appliqué à des images à teintes de gris.

L'ouverture par diamètre est une ouverture par critère ; les opérateurs par critère sont présentés dans la première partie de cette section. Le représentant le plus éminent dans cette classe d'opérateur est l'ouverture surfacique

a. Les ouvertures binaires par critère.

L'ouverture surfacique qui peut être considérée comme la première ouverture par critère a été présentée et étudiée par LUC VINCENT [63], [117]. L'ouverture surfacique binaire supprime toutes les composantes connexes d'une image binaire ayant une surface plus petite qu'un paramètre λ . Dans [63], l'auteur montre que cette opération peut être interprétée comme le supremum d'ouverture avec la classe d'éléments structurants ayant une surface supérieur ou égale à λ . BREEN et JONES généralisent le concept en introduisant les opérateurs par critère [118], [119]. Selon les caractéristiques du critère, l'opérateur résultant est une ouverture ou un amincissement. Cependant, les opérateurs par critère ont été anticipés déjà en 1988 par JEAN SERRA dans [71]. Dans cette présentation, l'ouverture est appelée « ouverture triviale ». Mais comme la mise en œuvre efficace par les files d'attente hiérarchiques n'a pas encore été inventée, l'extension aux images à teintes de gris n'était pas encore praticable.

1. Les critères.

Un critère assigne à un ensemble connexe $A \subset E$ une variable booléenne : une caractéristique (comme par exemple la surface) de l'ensemble est extraite, et cette caractéristique est comparée avec une valeur de référence (le paramètre de l'algorithme).

DÉFINITION I.1

Soit $E \subset \mathbb{Z}^2$ et $\mathcal{C}(E)$ l'ensemble des sous-ensembles connexes de E . un critère $\mathcal{K}$ est une application de $\mathcal{C}(E)$ dans $\{0,1\}$ qui assigne à chaque ensemble connexe $A \in \mathcal{C}(E)$ un nombre $\mathcal{K}(A) \in \{0,1\}$. Si $\mathcal{K}(A) = 1$ on dit que A remplit le critère $\mathcal{K}$.

Un critère $\mathcal{K}$ est dit croissant si pour deux ensembles connexes $A, B \in \mathcal{C}(E)$:

$$A \subset B \implies \mathcal{K}(A) \leq \mathcal{K}(B) \quad (I.1)$$

La surface d'un ensemble (le nombre de pixels contenus dans l'ensemble) permet la contraction d'un critère croissant :

$$\mathcal{K}(A) = \begin{cases} 1 & \text{si } \#A \geq \lambda \\ 0 & \text{sinon} \end{cases} \quad (I.2)$$

Si dans cette définition, le $\geq$ est remplacé par un $=$ ou un $<$, le critère $\mathcal{K}$ n'est pas croissant. Il est alors possible d'assigner à la même mesure (la surface) des critères différents ayant des propriétés différentes.

Un critère croissant qui est rempli par l'ensemble vide, est forcément rempli par tous les ensembles dans $\mathcal{C}(E)$. L'application d'un tel critère n'a aucun effet sur une image, et par conséquent nous pouvons supposer que $\mathcal{K}(\emptyset) = 0$ pour tous les critères croissants.

2. Les ouvertures et fermetures par critère.

Considérons maintenant des images binaires $X \in \mathcal{X}(E)$ et un critère croissant $\mathcal{K}$. une ouverture par critère enlève toutes les composantes connexes de cette image binaire qui ne remplissent le critère $\mathcal{K}$.

DÉFINITION I.2

Soit $X \subset E$ un ensemble et $\mathcal{K}$ un critère croissant. Une ouverture $\gamma_{\mathcal{K}}$ par critère est l'union de toutes les composantes connexes de X qui remplissent le critère $\mathcal{K}$. avec $C_{\mathcal{X}}(X)$ la composante connexe de X contenant x si $x \in X$ et $\emptyset$ sinon, l'ouverture par critère s'écrit de la manière suivante :

$$\gamma_{\mathcal{K}}(X) = \{x \in X \mid C_{\mathcal{X}}(X) \text{ remplit } \mathcal{K}\} \quad (I.3)$$

La fermeture par critère se définit par dualité :

$$\phi_{\mathcal{K}}(X) = [\gamma_{\mathcal{K}}(X^c)]^c \quad (I.4)$$

Seules les composantes connexes du fond (« les trous ») qui remplissent le critère $\mathcal{K}$ sont gardées, ou autrement dit, toutes les composantes connexes du fond qui ne remplissent pas le critère sont ajoutées à l'ensemble X :

$$\phi_{\mathcal{K}}(X) = X \cup \{x \in X^c \mid C_x(X^c) \text{ ne remplit pas } \mathcal{K}\} \quad (I.5)$$

Il peut être démontré facilement que l'opérateur défini dans Définition I.2 est une ouverture, c'est-à-dire qu'il est idempotent, croissant et anti-extensif [119]. Il est bien connu que toutes les ouvertures algébriques peuvent être écrites comme supremum d'ouvertures morphologiques avec une classe d'éléments structurants. Le théorème suivant montre le lien entre le critère de l'ouverture et la classe d'éléments structurants de cette représentation :

THÉORÈME I.1

Soit $E \subset \mathbb{Z}^2$ et $\mathcal{K}$ un critère croissant. L'ouverture par critère $\gamma_{\mathcal{K}}$ est le supremum des ouvertures morphologique avec la classe d'éléments structurants (connexes) qui remplissent le critère :

$$\gamma_{\mathcal{K}} = \bigcup_{B \in E} \{\gamma^B \mid \mathcal{K}(B) = 1\} \quad (I.6)$$

DÉMONSTRATION 1

Selon un théorème de MATHERON (voir [71], p.106), toute ouverture algébrique γ peut s'écrire comme supremum d'ouvertures morphologiques avec une classe d'éléments structurants $\mathcal{B}_0$:

$$\gamma_{\mathcal{K}} = \bigcup \{\gamma^B \mid B \in \mathcal{B}_0\} \quad (I.7)$$

Les éléments structurants $B \in \mathcal{B}_0$ sont invariants par rapport à l'ouverture γ : $\gamma(B) = B$. $\mathcal{B}_0$ s'appelle la base du domaine d'invariance $\mathcal{B}$ de γ : toutes les images binaires invariantes par rapport à γ peuvent être générées par translation et union à partir des éléments $B \in \mathcal{B}_0$.

L'ouverture par critère agit sur les composantes connexes, qui doivent remplir le critère séparément pour être gardé. Par conséquent, $\mathcal{B}_0$ ne contient que des ensembles connexes ; si un $B \in \mathcal{B}_0$ contenait deux composantes connexes, les deux rempliraient le critère (nécessaire pour l'invariance), mais dans ce cas, B pourrait être écrit comme union d'invariants translatés et ne serait donc pas dans $\mathcal{B}_0$, mais dans $B \setminus \mathcal{B}_0$.

De plus, on a :

$$\gamma = \bigcup \{\gamma^B \mid B \in \mathcal{B}\} \quad (I.8)$$

Car $\mathcal{B}_0 \subseteq \mathcal{B}$ et pour tous les $B \in \mathcal{B}$ et $B_0 \in \mathcal{B}_0$ on a $B \supseteq B_{0,h}$ (avec $h \in E$) ce qui implique $\gamma^B \subseteq \gamma^{B_0}$. Donc, le supremum d'ouverture est le même pour $B \in \mathcal{B}$ et $B \in \mathcal{B}_0$

Soit $\mathcal{B}'$ l'ensemble de tous les ensembles connexes invariants par rapport à γ . Il s'agit donc de tous les ensembles connexes qui remplissent le critère $\mathcal{K}$. Comme les ensembles dans $\mathcal{B}_0$ sont connexes, on a :

$$\mathcal{B}_0 \subseteq \mathcal{B}' \subseteq \mathcal{B} \quad (I.9)$$

Avec les équations (I.7) et (I.8), on obtient donc :

$$\gamma = \bigcup \{\gamma^B \mid B \in \mathcal{B}'\} \quad (I.10)$$

avec $\mathcal{B}'$ l'ensemble de tous les ensembles connexes qui remplissent le critère $\mathcal{K}$.

Le théorème montre la puissance des ouvertures par critère : elle remplace tout un ensemble d'opérations morphologiques. L'ouverture surfacique par exemple, ne garde que les composantes connexes d'une image avec une surface supérieure ou égale à λ :

$$\gamma_\lambda^{surf} = \{x \in E \mid Surf(C_x(X)) \geq \lambda\} \quad (I.11)$$

L'ouverture est le supremum de toutes les ouvertures avec des éléments structurants de taille égale ou supérieure à λ :

$$\gamma_\lambda^{surf} = \{\gamma^B(X) \mid Surf(B) \geq \lambda\} \quad (I.12)$$

La fermeture par critère peut s'écrire comme infimum de fermetures avec les éléments structurants qui remplissent le critère :

$$\phi_{\mathcal{K}} = \bigcap \{\phi^B \mid \mathcal{K}(B) = 1\} \quad (I.13)$$

3. La mise en œuvre.

La mise en œuvre d'une ouverture par critère pour des images binaires est très simple. Il suffit d'étiqueter l'image binaire, c'est-à-dire d'assigner la même valeur de gris t_i à tous les pixels appartenant à la même composante connexe C_i :

$$X = \bigcup_i C_i$$

$$[L(X)](x) = \begin{cases} t_i & , \text{si } x \in C_i \text{ avec } t_i \neq t_j \text{ pour } i \neq j \\ 0 & , \text{si } x \notin X \end{cases} \quad (I.14)$$

L'image $L(X)$ permet de calculer facilement les critères pour les composantes connexes en parallèle : pour l'ouverture surfacique par exemple, il suffit de parcourir l'image étiquetée une seule fois de plus pour trouver les surfaces des composantes connexes ; t_i sert comme index d'un buffer qui contient les surfaces des composantes connexes C_i . Chaque fois qu'un pixel $x \in C_i$ est trouvé, la valeur du buffer indexé par t_i est incrémentée¹.

¹ En effet, il y a des moyens d'améliorer encore l'efficacité en calculant la surface des composantes connexes déjà pendant l'étiquetage.

b. Les ouvertures par critère pour des images à teintes de gris.

Soit $f: D_f \subset \mathbb{Z}^2 \rightarrow T \subset \mathbb{Z}$ une image à teintes de gris. Comme toute ouverture binaire, les opérateurs décrits dans (a1) peuvent être appliqués également à f , en les appliquant aux ensemble dits sections $X_s^+(f) = \{x \in E \mid f(x) \geq t\}$ (comme cité dans le chapitre 2) au niveau s et en empilant le résultat.

Par contre, le critère $\mathcal{K}$ peut maintenant dépendre soit uniquement d'une mesure des sections (comme la surface par exemple) soit des valeurs de f . Dans le premier cas, on parle d'un critère planaire, dans le deuxième cas on parle d'un critère non-planaire.

DÉFINITION I.3

Soit $f: D_f \subset \mathbb{Z}^2 \rightarrow T \subset \mathbb{Z}$ une image à teintes de gris et $\mathcal{K}$ un critère planaire et croissant. Une ouverture par critère $\mathcal{K}$ s'écrit de la manière suivante :

$$[\gamma_{\mathcal{K}}(f)](x) = \sup\{s \leq f(x) \mid C_x[X_s^+(f)] \text{ remplit } \mathcal{K}\} \quad (\text{I.15})$$

Et la fermeture par critère :

$$[\phi_{\mathcal{K}}(f)](x) = \inf\{s \geq f(x) \mid C_x[X_s^-(f)] \text{ remplit } \mathcal{K}\} \quad (\text{I.16})$$

Si le critère n'est pas croissant mais planaire, il est quand même possible d'appliquer la Définition I.3 aux images à teintes de gris. L'opérateur résultant n'est pas une ouverture, parce qu'il n'est pas croissant, mais il est toujours idempotent et anti-extensif ; donc, il s'agit d'un amincissement (voir [118]). Si le critère n'est pas planaire l'opérateur résultant n'est même pas forcément idempotent. L'arasement volumique proposé dans [64] par exemple ne l'est pas.

1. Les fermetures par critères et l'inondation d'images.

Pour mettre en œuvre une ouverture par critère pour des images à teintes de gris, la Définition I.3 n'est pas adaptée. Il est préférable de travailler avec des inondations à l'aide des files d'attente hiérarchiques.

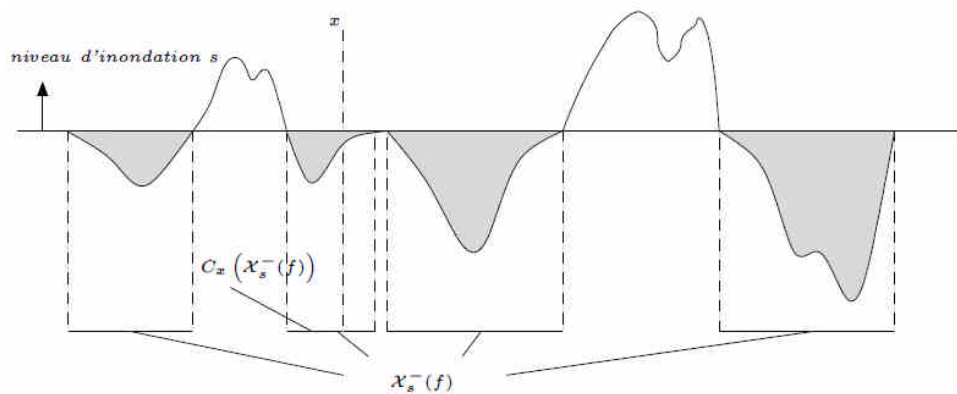


Figure I.1 - L'inondation pour une image f au niveau s [30].

Le concept est plus facile à expliquer pour des fermetures par critère. Soit f une fonction numérique. Elle peut être interprétée comme un relief topographique dans lequel la valeur de gris d'un point x correspond à son altitude. Ce relief est inondé à partir de ses minima régionaux, la manière à ce que le niveau d'inondation s soit identique pour toute l'image (voir Figure I.1). Au cours de l'inondation il se forme des lacs partout où $f(x)$ est déjà inondée, c'est-à-dire où $f(x) \leq s$. L'ensemble des lacs correspond à la section $X_s^-(f) = \{x \in E \mid f(x) \leq s\}$ au niveau s et le lac qui contient x correspond à l'ouverture connexe de la section $C_x[X_s^-(f)]$.

L'algorithme part des minima ayant les niveaux de gris les plus petits. Pour ce premier niveau d'inondation s , l'ensemble des lacs correspond alors aux minima globaux de l'image. Le critère est évalué pour tous ces lacs ; si un lac remplit le critère, l'image résultat prend la valeur s pour tous les points appartenant à ce lac (l'inondation « s'arrête » pour ce lac). Puis, s est incrémenté, les lacs existants sont étendus, de nouveaux minima locaux ayant la valeur s sont ajoutés, jusqu'à ce que tous les lacs $C_x[X_s^-(f)]$ pour ce nouveau niveau s soient déterminés. Si deux lacs se rencontrent, ils fusionnent, et le critère est évalué pour le lac fusionné, comme s'il s'agissait d'un seul lac. Puis, le critère est évalué pour tous les lacs. De cette manière, toute l'image est inondée, jusqu'à ce qu'il n'y ait plus de lacs qui ne remplissent pas le critère.

En pratique, des files d'attente hiérarchiques sont utilisées pour implémenter cette opération. L'algorithme est très efficace en termes de temps de calcul ; le seul point coûteux est l'évaluation du critère. Cela dépend essentiellement du critère lui-même : si le critère (comme la surface) est facile à recalculer quand un nouveau pixel est ajouté au lac, l'algorithme est en effet très rapide. Si par contre tous les pixels du lacs doivent être considérés pour recalculer le critère, la vitesse de l'algorithme baisse considérablement. Donc, les critères qui permettent une évaluation efficace sont d'un intérêt particulier.

A partir de ces considérations, il est possible de définir l'ouverture par diamètre, ce qui est fait dans la section suivante.

2. L'ouverture/fermeture par diamètre.

Dans la segmentation d'image, beaucoup de caractéristiques peuvent être utilisées pour trouver des régions d'intérêt. Une caractéristique très importante est la taille des éléments à trouver ; elle est à la base de beaucoup d'opérations morphologiques. Par contre, on peut imaginer de nombreuses méthodes pour mesurer la taille, par exemple la surface, l'épaisseur ou la longueur.

i. Le diamètre d'un ensemble.

La notion de diamètre d'un ensemble est liée à un cercle ; pour l'appliquer à un ensemble pas forcément de forme circulaire, il faut considérer soit le cercle extérieur minimal (le plus

petit cercle qui contient l'ensemble), soit le cercle inferieur maximal (le plus grand cercle contenu dans l'ensemble), soit une approximation de l'ensemble par un cercle.

Une ouverture morphologique par reconstruction avec un élément structurant circulaire peut être considérée comme une ouverture par critère avec comme critère le diamètre du cercle inferieur maximal (seules les composantes connexes qui peuvent contenir l'élément structurant sont gardées). Cette opération enlève toutes les structures qui ont une épaisseur inférieure à λ (avec λ le diamètre de l'élément structurant).

Parfois, il est pourtant justement intéressant de pouvoir caractériser des ensembles par rapport à leur extension maximal ; notamment, si l'opérateur est censé distinguer des objets minces de forme allongée des petits objets. Il y a plusieurs méthodes de définir un diamètre approprié. Nous avons utilisé l'extension maximale d'un ensemble A :

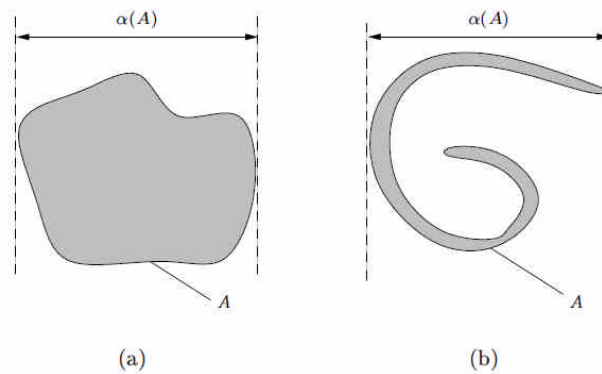


Figure 1.2 - Le diamètre $\alpha(A)$ [30].

DÉFINITION I.4

Soit $X \subset \mathbb{Z}^2$ un ensemble connexe de points. L'extension maximale (ou diamètre) de X est définie comme la plus grande distance entre deux points appartenant à X :

$$\alpha(X) = \bigvee_{x,y \in X} \|x - y\| \quad (\text{I.17})$$

Dans cette définition, $\|\cdot\|$ est une norme quelconque. Pour des raisons de simplicité (surtout pour la mise en œuvre efficace de l'algorithme), nous considérons la distance discrète entre deux points $x = (x_1, x_2)$ et $y = (y_1, y_2)$ qui s'écrit :

$$\|x - y\| = |x_1 - y_1| \vee |x_2 - y_2| \quad (\text{I.18})$$

Cette interprétation du diamètre d'un ensemble est illustrée dans la Figure 1.2. Ce diamètre a le grand avantage qu'il permet la construction d'un critère croissant, contrairement à la longueur géodésique et qu'il peut être calculé efficacement.

ii. L'ouverture par diamètre.

L'ouverture par diamètre garde les composantes connexes dont le diamètre est supérieur ou égale à λ ; elle équivaut au supremum des ouvertures morphologiques avec les éléments structurants ayant un diamètre égal ou supérieur à λ :

$$\begin{aligned} [\gamma_\lambda^\circ(X)](x) &= \{x \mid \alpha(C_x(X)) \geq \lambda\} \\ &= \bigcup \{\gamma^B(X) \mid \alpha(B) \geq \lambda\} \end{aligned} \quad (I.19)$$

L'ouverture par diamètre enlève toutes les composantes connexes d'une image binaire dont le diamètre (l'extension maximale) est plus petit que λ . Dans la Figure I.3, cet opérateur est illustré : contrairement à une ouverture par reconstruction ou une ouverture surfacique, l'image résultante contient toujours tous les éléments de forme allongée, même les éléments les plus minces, alors que les éléments de petit diamètre sont enlevés. En effet, l'opérateur enlève toutes les composantes connexes, qui peuvent être contenues dans un carré de longueur d'arête λ .

iii. La fermeture par diamètre.

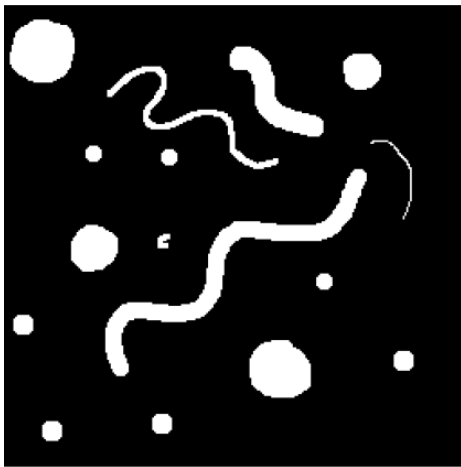
La fermeture par diamètre est l'infimum des fermetures morphologiques avec des éléments structurants d'extension maximale égale ou supérieure à λ :

$$\begin{aligned} [\phi_\lambda^\circ(X)](x) &= X \cup \{x \mid \alpha(C_x(X^c)) < \lambda\} \\ &= \bigcap \{\phi^B(X) \mid \alpha(B) \geq \lambda\} \end{aligned} \quad (I.20)$$

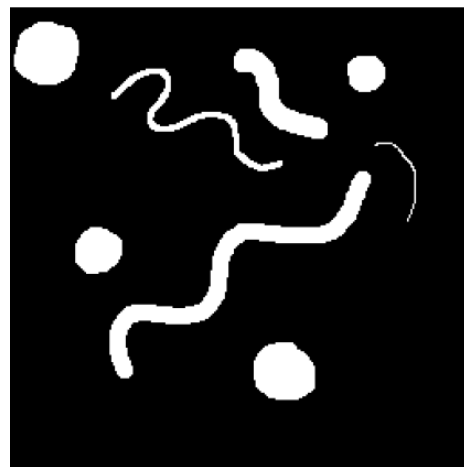
Pour des images à teintes de gris, l'ouverture/la fermeture par diamètre est respectivement :

$$\gamma_\lambda^\circ(f) = \sup\{s \leq f(x) \mid \alpha(C_x[X_s^+(f)]) \geq \lambda\} \quad (I.21)$$

$$\phi_\lambda^\circ(f) = \inf\{s \geq f(x) \mid \alpha(C_x[X_s^-(f)]) \geq \lambda\} \quad (I.22)$$



(a) Image binaire



(b) L'ouverture par diamètre de l'image binaire

Figure I.3 - L'ouverture par diamètre d'une image binaire : tous les éléments avec un diamètre inférieur ou égal à 15 sont enlevés [30].

L'effet de cet opérateur sur des images à teintes de gris est illustré dans la Figure 1.4 (la fermeture par diamètre est montrée pour garder l'idée de l'inondation de l'image.) dans la Figure 1.4(b) les petits trous isolés sont enlevés, les tranchées par contre (qui seraient également enlevées par une fermeture par reconstruction) sont conservées. Dans l'image résultante, tous les minima ont un diamètre supérieur ou égal à λ (ici $\lambda = 20$). La ligne très mince en haut de l'image serait également enlevée par une ouverture surfacique (si le paramètre est choisi de manière à ce que les petits trous soient enlevés).

En effet, la fermeture par diamètre « bouche » tous les trous qui pourraient être compris dans un carré de longueur d'arête λ ; elle est l'infimum de toutes les fermetures avec des éléments structurants ayant une extension maximale supérieure ou égale à λ .

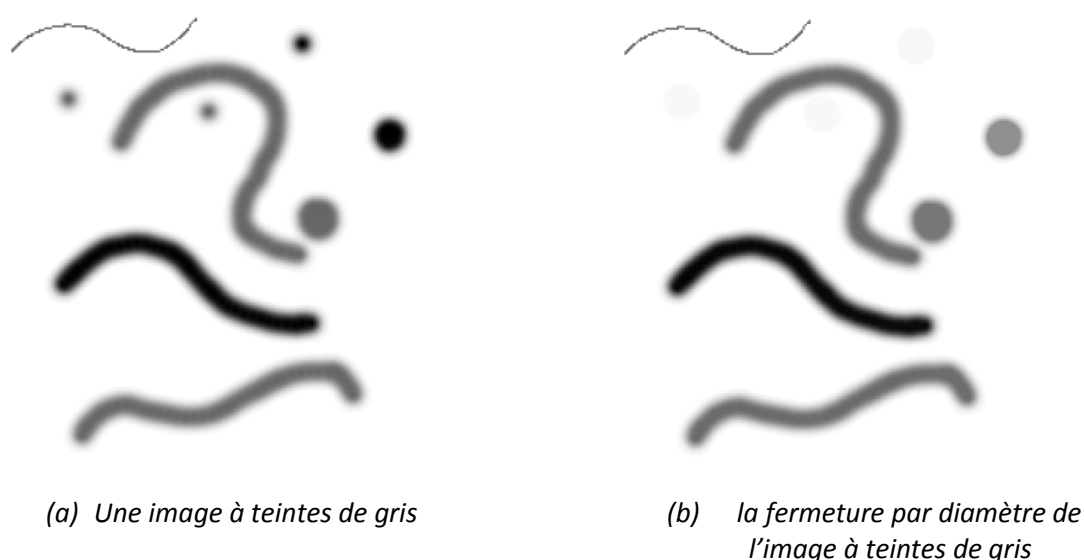


Figure 1.4 - La fermeture par diamètre d'une image à teinte de gris : tous les trous de diamètre plus petit que $\lambda = 20$ sont remplis [30].

Les ouvertures et les fermetures par diamètre sont appliquées dans le cas où des objets sont caractérisés par leur extension maximale, plutôt que par leur épaisseur. Dans [30], la fermeture par diamètre est appliquée à la détection des micro-anévrismes qui correspondent à des « petits trous » dans la surface topographique elle permet donc de distinguer entre ces petits trous et les vaisseaux qui correspondent à des tranchées.

II. Les squelettes.

Les squelettes peuvent être calculés par des amincissements successifs avec un couple d'éléments structurants adapté et ses rotations. Le problème est le temps de calcul, surtout pour des images à teinte de gris. Dans notre mémoire, nous avons utilisé la LPE pour calculer l'axe médian de l'arbre vasculaire. Nous allons nous contenter de présenter un algorithme pour le filtrage d'un squelette; il s'agit d'un ébarbulage sélectif, dans lequel toutes les barbules qui ne dépassent pas une certaine longueur sont enlevées [30].

a. L'ébarbulage des squelettes.

Les squelettes obtenus par les algorithmes présentés auparavant contiennent souvent des branches qui sont dues à des petites irrégularités du contour de l'ensemble initiale et non pas à des propriétés de l'objet qui puissent être utiles pour une analyse de forme. Il est intéressant de modifier le squelette pour garder que les branches essentielles. La méthode classique est l'ébarbulage ; nous présentons ici une mise en œuvre efficace à l'aide des files d'attente. Ensuite, nous présenterons une méthode d'ébarbulage plus sophistiquée pour enlever toutes les barbules ayant une longueur trop petite tout en gardant les autres entières.

Pour pouvoir expliquer le concept de cet algorithme, il faut d'abord définir quelques points caractéristiques du squelette, ce qui est fait dans le paragraphe suivant.

1. Les points caractéristiques d'un squelette.

Un squelette $S(A)$ d'un ensemble A a quelques points caractéristiques :

- Les points de bifurcation,
- Les points finaux,
- Les branches.

Les points de bifurcations marquent l'endroit où deux branches du squelette se rencontrent. Comme au niveau des branches, l'épaisseur du squelette vaut 1, les points de bifurcation sont définis de la manière suivante :

DÉFINITION II.1

Soit S un squelette sur la trame hexagonale. Tous les points $x \in S$ qui ont plus de deux voisins $y \in N_G(x)$ avec $y \in S$ sont appelés points de bifurcation :

$$BIF(S) = \{x \in S \mid \#(N_G(x) \cap S) > 2\} \quad (II.1)$$

Une composante connexe $BIF_i(S)$ de $BIF(S)$ est appelée bifurcation.

Selon cette définition, l'endroit où deux branches d'un squelette se rencontrent ne consiste pas forcément en un seul point : il peut s'agir également d'un ensemble de points, comme il est montré dans la Figure II.1 en effet, une bifurcation peut contenir jusqu'à 7 pixels pour la trame hexagonale.

Le deuxième groupe de points caractéristiques d'un squelette sont les points finaux : ils peuvent également être définis par le nombre de voisins qui appartiennent au squelette :

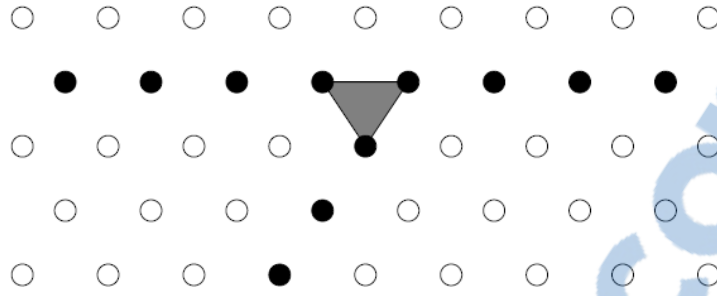


Figure II.1 - Un ensemble de trois de bifurcation [30].

DÉFINITION II.2

Soit S un squelette. Tous les points $x \in S$ qui ont un et seulement un voisin $y \in N_G(x)$ avec $y \in S$ sont appelés points finaux $FIN(S)$:

$$FIN(S) = \{x \in S \mid \#(N_G = 1)\} \quad (II.2)$$

En partant de la définition des points de bifurcation, les branches peuvent être définies facilement :

DÉFINITION II.3

Les branches $\mathcal{F} = \{F_i(S)\}$ d'un squelette S sont les composantes connexes de l'ensemble $S \setminus BIF(S)$. La branche qui contient le point x est désignée $F_x(S)$:

$$F_x(S) = C_x(S \setminus BIF(S)) \quad (II.3)$$

Les branches finales d'un squelette sont les branches qui contiennent au moins un point final du squelette.

2. L'ébarbulage classique.

Pour enlever les « barbules » d'un squelette c'est-à-dire toutes les branches dont la longueur est trop petite, il existe une méthode classique : l'ébarbulage des squelettes qui se sert du couple d'éléments structurants B_E qui est montré avec ses rotations dans la Figure II.2. Les points finaux d'un squelette sont enlevés par un amincissement avec ce couple d'éléments structurants B_E et ses rotations, et ce processus est itéré n fois. S'il est itéré jusqu'à l'idempotence, l'opérateur est appelé l'ébarbulage complet d'un squelette, et il donne comme résultat le squelette minimal. Avec $\underline{\circ}(B_1, B_2)$ la séquence d'amincissements par le couple (B_1, B_2) et toutes ses rotations, l'ébarbulage s'écrit de la manière suivante :

$$\begin{aligned} EB^{(n)}(S) &= (S \underline{\circ}(B_1, B_2))^n \\ EB_c(S) &= (S \underline{\circ}(B_1, B_2))^\infty \end{aligned} \quad (II.4)$$



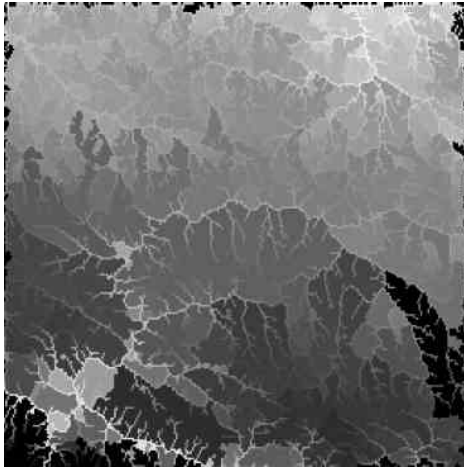
Figure II.2 - Un couple d'éléments structurants homotopiques (B_E) dans la trame hexagonale et ses rotations. B_1 contient seulement le centre (marqué en noir, les pixels de B_2 sont marqués en gris. L'élément structurant (le E de l'alphabet de Golay) est utilisé pour trouver les points finaux d'un squelette [30].

Remarque : selon la Définition II.2, des points finaux sont les points d'un squelette qui ont exactement un voisin. L'amincissement avec le couple d'éléments structurants B_E peut enlever aussi des points qui ont deux voisins. En effet, ce sont des points qui correspondent à des points de bifurcation dans le squelette non ébarbulé. Ces points doivent être enlevés malgré tout, bien qu'ils aient plus d'un voisin.

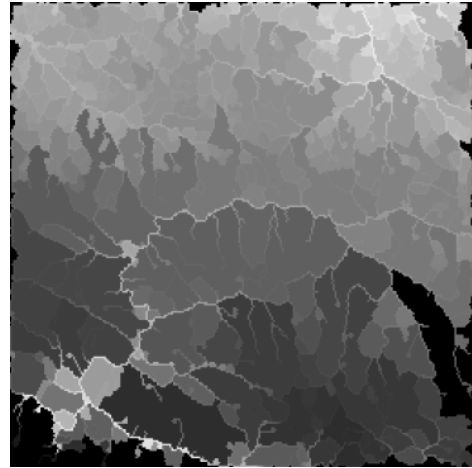
Le temps de calcul de cet algorithme peut être réduit considérablement en utilisant des files d'attente. La stratégie est exactement la même que pour un algorithme de squelettisation (voir [30]) : l'algorithme n'agit que sur les points qui sont susceptibles d'être enlevés par l'ébarbulage.

La file d'attente est initialisée avec tous les points finaux du squelette. Après l'initialisation, un pixel virtuel est mis dans la file d'attente : comme dans l'algorithme du calcul du squelette ([30]), ce pixel indique la fin de la file d'attente au moment de l'initialisation. Les pixels sont sortis l'un après l'autre dans la file, puis l'image est modifiée dans x , si les conditions d'un amincissement sont toujours remplies. Ensuite, les voisins sont considérés, et le voisin susceptible de subir un changement est mis dans la file. Quand le pixel virtuel est sorti de la file d'attente, toutes les barbulles ont été raccourcies par 1 pixel. Si le nombre de pixels à enlever de chaque barbule n_{max} est supérieur à 1, le pixel virtuel est remis dans la file d'attente : le nombre de fois qu'il est sorti de la file d'attente correspond au nombre de pixels enlevés.

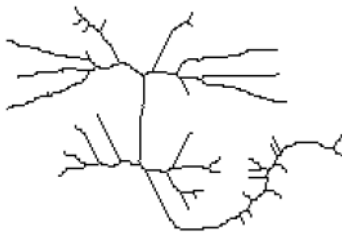
Dans la Figure II.3, des résultats de l'application de cet opérateur à des images binaires et des images à teintes de gris sont montrés. L'inconvénient de l'ébarbulage est qu'un certain nombre de pixels est enlevé de toutes les branches qui contiennent un point final. Même si il s'agit d'une branche qui n'est pas due à une petite irrégularité, mais à une propriété importante de l'ensemble considéré, n pixels seront enlevés. Cela est souvent sans importance, mais notamment dans la détection des vaisseaux, des détections correctes sont enlevées du résultat, ce qui n'est pas satisfaisant.



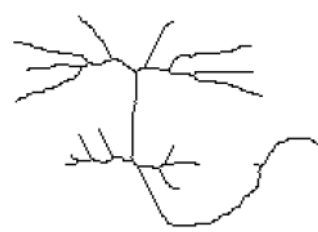
(a) Le squelette d'une image à teintes de gris



(b) Le squelette de l'image à teintes de gris



(c) Le squelette d'une image binaire

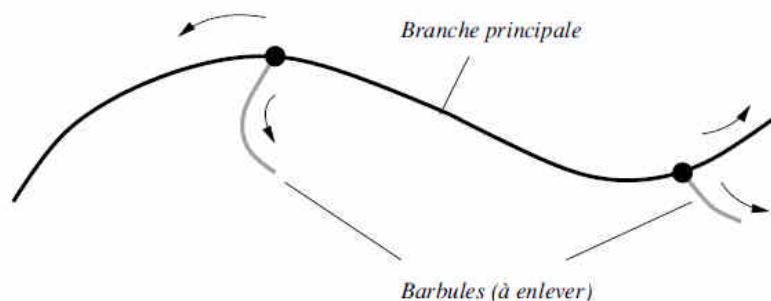


(d) Le squelette ébarbulé d'une image binaire

Figure II.3 - L'ébarbulage des squelettes [30].

3. Une nouvelle méthode d'ébarbulage sélectif de squelette.

Un algorithme qui n'ébarbule que les branches ayant une longueur inférieure à n_{max} pixels tout en gardant les autres doit d'abord être capable de distinguer les uns des autres. Intuitivement parlant : pour distinguer entre la branche principale et « barbule à enlever ». Il va falloir se placer sur un point de bifurcation et considérer les branches de longueur $n \leq n_{max}$ qui se dirigent vers les points finaux de squelette. Parmi ces branches, nous ne garderons que les plus longues (voir Figure II.4).

**Figure II.4 - La branche principale (en noir) et les barbules (en gris) [30].**

Rapport-gratuit.com

LE NUMERO 1 MONDIAL DU MÉMOIRES



i. L'algorithme de Pierre Soille.

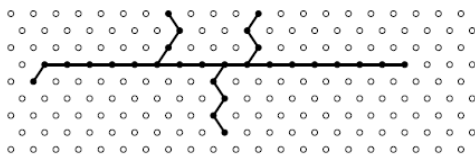
Dans [120], l'auteur propose une méthode pour enlever toutes les barbules d'un squelette S qui ne font pas plus de n_{max} pixels de longueur tout en gardant les autres branches du squelette. La technique est la suivante : le squelette est ébarbulé de n_{max} pixels (voir la Figure II.5 (b)), puis, les points finaux du squelette ébarbulé sont déterminés. Ensuite, toutes les parties du squelette qui ont été enlevées par l'ébarbulage et qui sont connexes à un point final du squelette ébarbulé sont reconstruites et ajoutées au squelette ébarbulé. Soit F l'ensemble des point finaux du squelette ébarbulé $RET^{(n_{max})}(S)$, le squelette filtré $\psi(S)$ se calcule de la manière suivante :

$$Res(S) = S \setminus RET^{(n_{max})}(S)$$

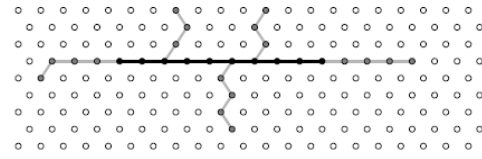
$$\psi(S) = RET^{(n_{max})}(S) \cup R_{Res(S) \cup F}(F) \quad (II.5)$$

L'idée derrière cette méthode est qu'une barbule qui a une longueur de $n \leq n_{max}$ n'est pas connexe à un point final du squelette ébarbulé, ou autrement dit : si une barbule est plus longue que n_{max} pixels, elle serait raccourcie par un ébarbulage supplémentaire de taille 1, alors qu'une barbule de longueur inférieure ou égale à n_{max} est déjà entièrement enlevée par $RET^{(n_{max})}(S)$, et un ébarbulage supplémentaire de taille 1 ne la raccourcit plus.

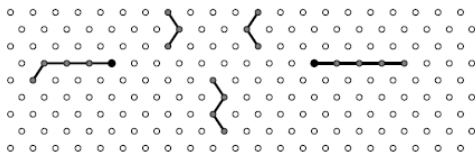
Dans la Figure II.5, un exemple est donné pour $n_{max} = 4$: les barbules ayant une longueur de $n \leq n_{max}$ sont enlevées, alors que les autres sont reconstruites et gardées entièrement. Par contre, l'algorithme ne donne pas toujours le résultat souhaité. Si en ébarbulant l'image, une bifurcation du squelette original est enlevée, toutes les branches qui y débouchent sont reconstruites. Si par exemple dans la Figure II.5, l'algorithme est appliqué pour $n_{max} = 6$, la barbule à gauche dont la longueur est $n = 3$ est gardée. Le problème est alors la reconstruction des barbules qui ne remplissent pas elles-mêmes les critères de longueur, mais qui sont connexes à des branches qui elles, remplissent le critère.



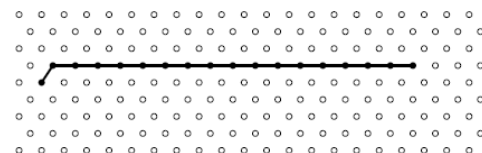
(a) Un squelette binaire



(b) Le squelette ébarbulé ($n = 4$)



(c) Union entre le résidu et les points finaux du squelette ébarbulé



(d) Le résultat de l'algorithme

Figure II.5 - Le principe de l'algorithme proposé par PIERRE SOILLE [30].

ii. Une nouvelle méthode d'ébarbulage sélectif.

Soit S un squelette binaire, et B_E le couple d'éléments structurants pour enlever les points finaux d'un squelette (Figure II.2). Nous définissons d'abord une fonction $\mathfrak{X}(S)$ qui assigne à chaque point $x \in S$ le nombre n de séquence d'amincissement (avec le couple d'éléments structurants B_E et ses rotations) qui doit être effectué pour l'enlever de S . Pour les points finaux par exemple, cette fonction vaut 1, car après une séquence d'amincissement, ils sont enlevés. Pour tous les points $x \in S$, qui ne sont pas enlevés par n_{max} amincissements, la fonction $\mathfrak{X}(S)$ prend comme valeur $n_{max} + 1$.

$$\mathfrak{X}S(x) = \begin{cases} n & \text{si } x \in [S \circ B_E]^{(n-1)} \text{ et } x \notin [S \circ B_E]^{(n)} \text{ avec } n \leq n_{max} \\ n_{max} + 1 & \text{si } x \in [S \circ B_E]^{(n_{max})} \\ 0 & \text{si } x \notin S \end{cases} \quad (II.6)$$

D'un point de vue algorithmique, cette fonction peut être en œuvre très facilement en modifiant l'algorithme de l'ébarbulage : chaque fois qu'un point x est enlevé du squelette, nous assignons à $\mathfrak{X}S(x)$ le nombre $n + 1$, avec n le nombre de séquence d'amincissement effectués (le nombre d'apparitions du pixel virtuel).

Cette fonction $\mathfrak{X}(S)$ permet de distinguer entre les parties à enlever et les parties à garder. Evidemment, les pixels x avec $\mathfrak{X}S(x) > n_{max}$ sont à conserver, puisqu'ils correspondent à des points du squelette qui n'ont pas été ébarbulés et qui appartiennent alors à des branches trop longues (ou des boucles).

Considérons maintenant les pixels avec $\mathfrak{X}S(x) \leq n_{max}$: supposons que dans un point de bifurcation deux barbules de longueurs différentes mais inférieures à n_{max} se rejoignent. L'ébarbulage qui est à la base de la construction de $\mathfrak{X}(S)$ est un processus parallèle. Donc, c'est la branche la plus courte qui « arrive en premier » au point de bifurcation. La branche a été enlevée entièrement par l'ébarbulage et puisqu'il n'y a plus de point final dans le voisinage du dernier pixel enlevé, l'ébarbulage s'arrête pour cette branche. De ce fait, les valeurs de $\mathfrak{X}(S)$ varient par 1 pour tous les pixels situés sur la branche principale BP :

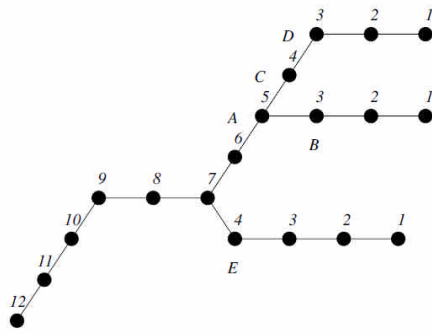
$$\forall x, y \in BP \subset S, \quad y \in N(x) : |\mathfrak{X}S(x) - \mathfrak{X}S(y)| \leq 1 \quad (II.7)$$

alors que sur des branches plus courtes il y a au moins un pixel dans le voisinage qui varie par plus de 1 par rapport à la valeur assignée au dernier pixel enlevé. Nous enlevons alors tous les points du squelette pour lesquels $\max_{y \in N(x)} \{\mathfrak{X}S(y) - \mathfrak{X}S(x)\} > 1$; de cette manière, les barbules qui sont à enlever peuvent être déconnectées de la branche principale.

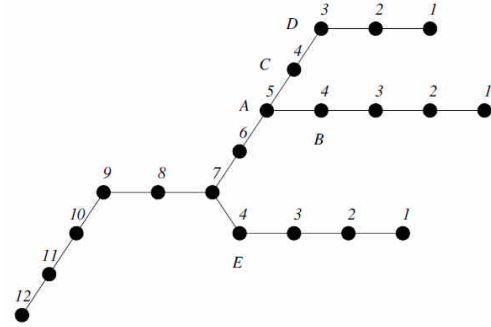
$$\psi_1 S = \{x \in S \mid \forall y \in N(x), \quad \mathfrak{X}S(y) - \mathfrak{X}S(x) \leq 1\} \quad (II.8)$$

Cela est illustré dans la Figure II.6 (a) : le point E est le dernier point enlevé de la branche en bas à droite, t la différence par rapport au prochain point de la branche principale

est $7 - 4 = 3$. Le point E est alors enlevé par l'algorithme. Le point B fait partie de l'ensemble de points de bifurcation ; néanmoins, il a un voisin A pour lequel il prend la valeur 5, donc, la différence est 2, et il doit être enlevé, et de cette manière la branche sur laquelle il est situé (de longueur 3) est déconnectée de la branche principale. Le point C par contre est gardé.



(a) La fonction $\mathfrak{X}(S)$ pour un squelette binaire S . Les branches qui correspondent à B et E sont enlevées.



(b) Ici, les branches qui correspondent à B et C ont la même longueur, et elles peuvent être enlevées dans une prochaine étape de l'algorithme.

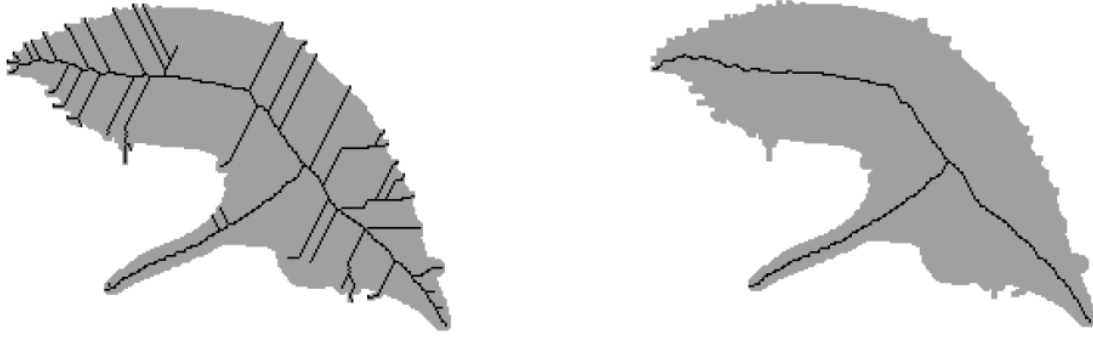
Figure II.6 - $\mathfrak{X}(S)$ pour deux squelettes S [30].

Il reste un petit problème à résoudre : les branches qui débouchent dans une bifurcation peuvent avoir la même longueur. Dans ce cas nous pouvons soit laisser toutes les branches, parce qu'elles représentent la même « importance » selon nos termes, soit choisir l'une des branches au hasard¹. Nous avons cette dernière possibilité afin de ne pas alourdir l'algorithme après avoir déconnecté toutes les barbulles comme décrit auparavant, nous considérons de nouveau les pixels x avec leurs voisins $y \in S$ du squelette et s'il y a plus d'un voisin avec $\mathfrak{X}(y) = \mathfrak{X}(x) - 1$, nous enlevons un au hasard :

$$\begin{aligned} \psi_2 S &= \psi_1 S \setminus \{ y \in \psi_1 S \mid \exists x, y' \text{ avec } y, y' \in N(x), y' \in \psi_2 S \text{ et} \\ &\quad \mathfrak{X}(x) = \mathfrak{X}(y') + 1 = \mathfrak{X}(y) + 1 \} \end{aligned} \quad (II.9)$$

Nous constatons que ce deuxième pas ne peut être effectué que si le premier est déjà fait (sinon, par exemple, dans la Figure II.6 (a), le point D serait éventuellement enlevé, parce que $\mathfrak{X}(b) = \mathfrak{X}(d) = \mathfrak{X}(c) - 1$ et le résultat ne serait donc pas correct ; il est important alors d'enlever B d'abord).

¹ Nous pourrions bien sûr aussi appliquer d'autres critères dans ce cas, mais à ce moment, l'algorithme devient plus sophistiqué qu'un simple ébarbulage et par conséquent, plus lourd.



(a) La fonction $\mathfrak{X}(S)$ pour un squelette binaire S . Les branches qui correspondent à B et E sont enlevées.

(b) Ici, les branches qui correspondent à B et C ont la même longueur, et elles peuvent être enlevées dans une prochaine étape de l'algorithme.

Figure II.7 - Le résultat de l'ébarbulage sélectif pour $n_{max}=100$ [30].

Dans $\psi_2(S)$, toutes les barbules à éliminer sont déconnectées de la branche principale, et le résultat peut se calculer par une simple reconstruction de l'ensemble de tous les points x avec $\mathfrak{X}S(x) = n_{max} + 1$ sous ψ_2S :

$$\Xi(S) = R_{\psi_2S} (T_{[n_{max}, n_{max}+1]} \mathfrak{X}S) \quad (II.10)$$

Dans la Figure II.7 (a), une image binaire est montrée avec le squelette superposé. Dans la Figure II.7 (b), l'application de l'opérateur proposé est montrée. Toutes les barbules ayant une longueur inférieure à $n_{max} = 100$ sont enlevées, par contre, les autres branches sont gardées entièrement. Le résultat contient les axes principaux du squelette initial. Cette réduction d'information peut être utile dans la description de forme et pour le filtrage des images binaires.

Annexe B

Méthodes d'amélioration par augmentation du contraste

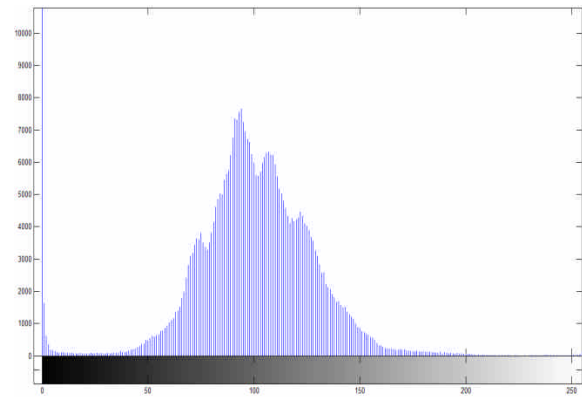
Dans cette annexe, nous allons présenter quelques techniques d'amélioration du contraste du canal vert dans les images rétiniennes. Ces améliorations sont basées, notamment, sur les modifications de l'histogramme pour augmenter le contraste et la luminosité globales de l'image. [29]

I. Expansion de la dynamique.

L'expansion de la dynamique est une technique basée sur la modification de l'histogramme. Elle permet d'élargir l'intervalle des niveaux de gris de l'image sur tout l'intervalle disponible [0 à 225], [31] dans le but d'améliorer le contraste (Figure I.1).



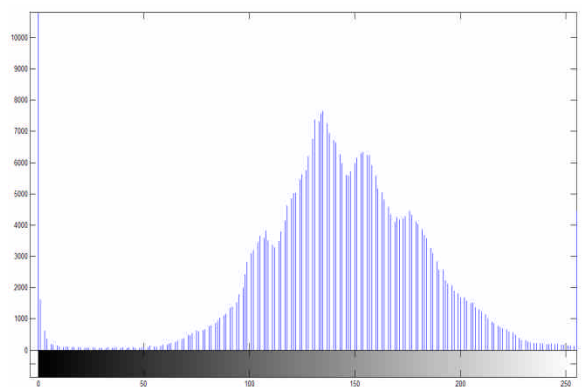
(a) Image en niveaux de gris



(b) Histogramme de l'image en niveau de gris



(c) Image améliorée



(d) Histogramme de l'image améliorée

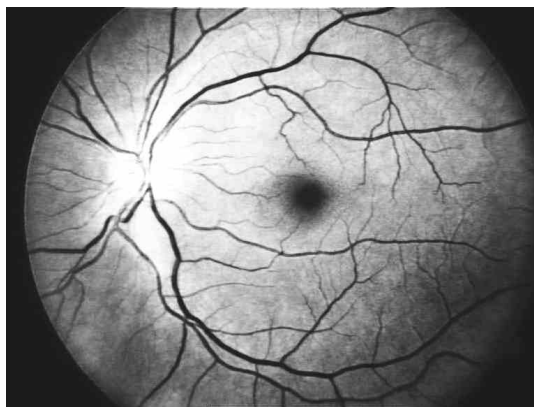
Figure I.1 - Expansion de la dynamique.

Dans l'histogramme de l'image en NG (Figure I.1 (a et b)), apparaissent deux pics importants. L'un correspond au fond sombre de l'image, et l'autre correspond à toutes les informations utiles de la rétine.

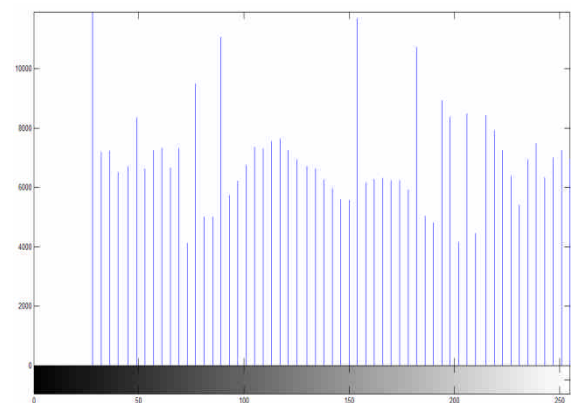
Par contre, dans l'histogramme de l'image améliorée (Figure I.1 (c et d)), on constate qu'il y a un accroissement de la dynamique de l'image en étendant les valeurs des pixels sur l'ensemble des NG, par conséquent, le contraste est augmenté et le contenu de l'image devient plus visible.

II. Egalisation de l'histogramme.

On peut améliorer l'image d'une meilleure façon, en utilisant la technique d'Egalisation d'histogramme. Celle-ci est obtenue en appliquant une transformation ponctuelle d'intensité qui consiste à rendre l'histogramme le plus plat possible [31], ce qui correspond à une répartition idéale des niveaux de gris dans l'image (Figure II.1).



(a) Image améliorée



(b) Histogramme de l'image améliorée

Figure II.1 - Egalisation de l'histogramme.

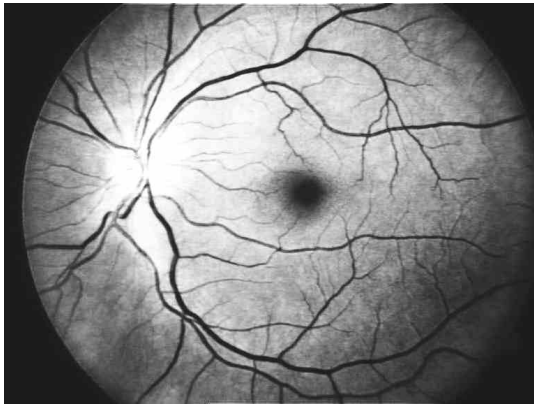
La dynamique a été diminuée autour des NG peu représentatifs, et augmentée autour des NG très représentatifs.

Cette méthode permet de s'affranchir de certaines variations d'éclairage pour permettre de comparer visuellement des images.

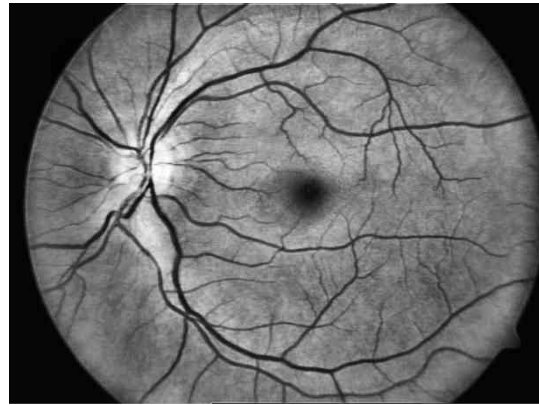
L'inconvénient de cette méthode est qu'elle ne prend pas en compte la répartition spatiale des niveaux de gris dans l'image, l'extraction du réseau vasculaire devient difficile sur les bords de l'image.

III. Egalisation adaptative.

Pour tenir compte de toute la répartition spatiale des niveaux de gris dans l'image, on fait appel à une autre technique issue de l'égalisation. L'idée consiste à subdiviser l'image en des régions rectangulaires non-chevauchantes, pour ensuite leur appliquer une égalisation locale d'histogramme (Figure III.1) [116].



(a) Image améliorée par l'égalisation d'histogramme



(b) Image améliorée par l'égalisation adaptative

Figure III.1 - Egalisation adaptative.

D'après la Figure III.1 (b), on constate que le contraste des gros vaisseaux, près de la papille et dans la région centrale de l'image, ainsi que les petits vaisseaux, aux bords de l'image, est augmenté par rapport au contraste de la Figure III.1 (a), et le réseau rétinien apparaît mieux.

IV. Seuillage.

Une étape clé du traitement de l'image est le seuillage, c'est à dire le passage de l'image en niveau de gris à une image binaire où les pixels à 1 correspondent aux objets et les pixels à 0 au fond de l'image.

Les traitements binaires sont destinés à définir, le plus précisément possible, les objets à analyser qui intéressent l'opérateur.

Dans les images couleur (réseau noir sur un fond sombre), il n'y a que les gros vaisseaux qui apparaissent, clairement, alors que les petits vaisseaux ne sont pas visibles car ils ont un faible contraste et ils sont souvent corrompus par le bruit, en plus il existe une forte ressemblance des niveaux de gris de l'arbre vasculaire avec celle du fond de

la rétine (Figure IV.1 (a)), ce qui pose un problème lors de la localisation d'un seuil optimal.

D'après l'histogramme de l'image couleur améliorée du canal vert présenté dans la Figure IV.1(c). Une opération de seuillage ($S = 40$) permet de sélectionner les niveaux de gris correspondant au réseau vasculaire (Figure IV.1 (c)).

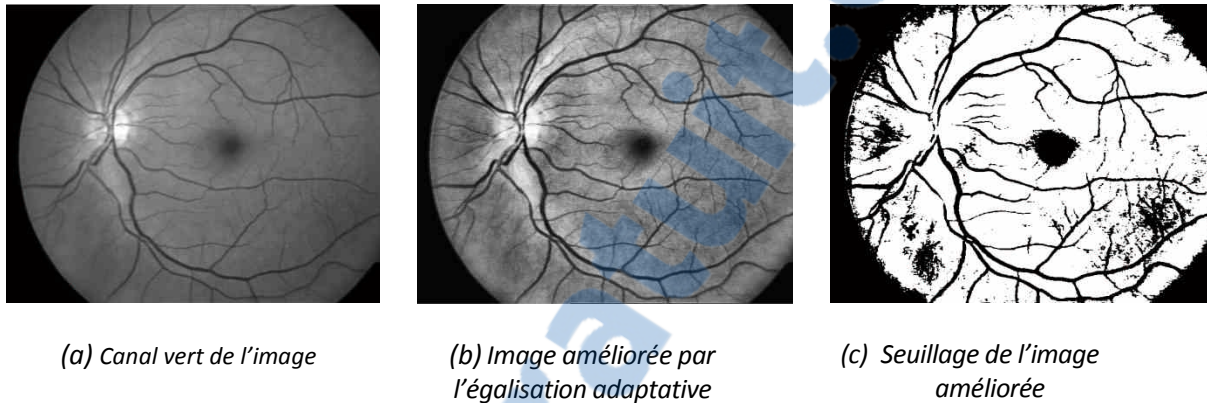


Figure IV.1 - Le seuillage sur l'image en niveaux de gris améliorée.

On constate que les vaisseaux des images obtenues par rétinographie sont difficiles à extraire par une simple opération de seuillage, car il y a beaucoup de fausses détections (des régions qui ne correspondent pas au réseau apparaissent sous formes de bruit).

La cause principale de cette mauvaise extraction du réseau rétinien provient de l'illumination non uniforme à cause de la géométrie de l'œil, qui rend la séparation entre les différents objets de l'image très difficile.

Pour résoudre ce problème, nous avons présenté dans le chapitre 3 une méthode qui permet de corriger l'illumination non uniforme de l'image, en augmentant leur contraste.

Annexe C

La représentation de la couleur dans le traitement d'images

Dans cette annexe, on donne une introduction à la représentation de la couleur dans le traitement d'images. On va décrire brièvement les espaces couleur utilisées dans ce mémoire, tels que présentés dans [30].

I. L'espace RVB .

La vision humaine est trichromatique ; i.e. la perception d'une couleur correspond à une superposition des trois stimuli provenant des trois types de cônes dans la rétine, dont les maxima de sensibilité se trouvent dans le rouge le vert et le bleu dans l'espace RVB , on utilise un codage de la couleur à partir de trois couleurs premières dont la sensibilité correspond approximativement aux sensibilités des cônes. Une couleur C est représentée dans l'espace RVB par un vecteur de trois composantes, le rouge, le vert et le bleu :

$$C = \begin{pmatrix} R \\ V \\ B \end{pmatrix} = R \cdot \begin{pmatrix} 1 \\ 0 \\ 0 \end{pmatrix} + V \cdot \begin{pmatrix} 0 \\ 1 \\ 0 \end{pmatrix} + B \cdot \begin{pmatrix} 0 \\ 0 \\ 1 \end{pmatrix} = R \cdot \mathcal{R} + V \cdot \mathcal{V} + B \cdot \mathcal{B} \quad (I.1)$$

Les trois vecteurs $\mathcal{R}$, $\mathcal{V}$ et $\mathcal{B}$ définissant un espace tridimensionnel. Comme R , V et B ne peuvent varier qu'entre 0 et 1¹, toutes les couleurs que l'on peut représenter dans ce système sont comprises dans un cube dans l'espace RVB (voir Figure I.1).

Dans ce cube, le point $\mathbf{0}$ correspond à la couleur qui est caractérisée par l'absence des stimuli ; il représente le noir. Les points $(1,0,0)$, $(0,1,0)$, $(0,0,1)$ correspondent au rouge, vert et bleu respectivement. Le point $(1,1,1)$ correspond au blanc. En effet, sur la diagonale que l'on peut tracer dans ce cube entre le point $\mathbf{0}$ et le point $\mathbf{1}$, on ne trouve que des couleurs pour lesquelles $R = V = B$. ce sont des teintes de gris. On parle aussi d'axe *achromatique*.

La représentation de couleur dans l'espace RVB découle directement du mécanisme dans la vision humaine, et c'est probablement pour cela qu'il est l'espace le plus répandu. Il est utilisé entre autre dans les caméras et dans les écrans vidéo. Par contre, il n'est pas forcément le plus utile quand il s'agit de traitement de couleur. En effet, il existe une

¹ Dans la plupart des applications, on travaille avec des images couleur de profondeur 24 bit, i.e. 8 bits par canal. Or, R , V et B varient entre 0 et 225, mais ceci ne change rien dans les considérations suivantes.

multitude d'espaces couleur, qui découlent d'autres considérations que la proximité à la réalité physique. Ici, on ne donne pas l'introduction aux espaces les plus courants, on se limite à expliquer brièvement ceux qui sont utilisés dans ce mémoire. Pour plus d'information sur les espaces couleur, on consultera [121] et [122].

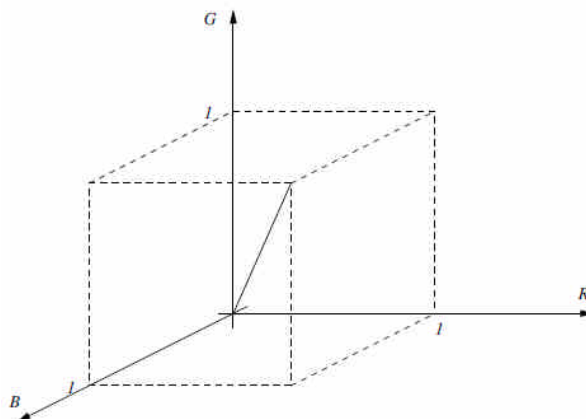


Figure 1.1 - Le cube de couleurs dans l'espace RVB [30].

II. Les espaces de luminance, teinte et saturation.

Bien que l'espace *RVB* découle du captage rétinien des couleurs, il n'est pas toujours adapté à la perception d'une couleur, i.e. bien que la couleur soit une superposition de trois couleurs primaires, ce n'est pas comme cela qu'on décrirait une couleur. Les concepts de luminance, teinte et saturation sont des décrypteurs plus « humains » :

- Intuitivement, une couleur peut - indépendamment de sa chrominance – apparaître plus claire ou plus sombre. *La luminance (ou clarté)* décrit cette caractéristique.
- *La teinte* est l'une des caractéristiques chromatiques. Elle est la longueur d'onde dominante, i.e. la longueur d'onde de la couleur pure qui, mélangée avec du blanc, donne la couleur donnée.
- *La saturation* est la deuxième caractéristique chromatique de la couleur ; elle décrit la pureté d'une couleur. Elle est maximale si la couleur est pure donc s'il n'y a pas de blanc qui est mélangé avec la couleur pure. Plus on ajoute du blanc, plus la couleur devient « pastel ».

Le grand avantage de ce genre d'espace couleur est la séparation de deux informations complémentaires : d'un côté, on a la luminance, donc une information achromatique, et de l'autre côté la teinte et la saturation comme caractéristiques chromatiques. Cette séparation est très avantageuse pour des manipulations de l'image qui ne doivent pas introduire des fausses couleurs, pour la visualisation des images couleurs sur des écrans noir et blanc et pour des interfaces homme/machine.

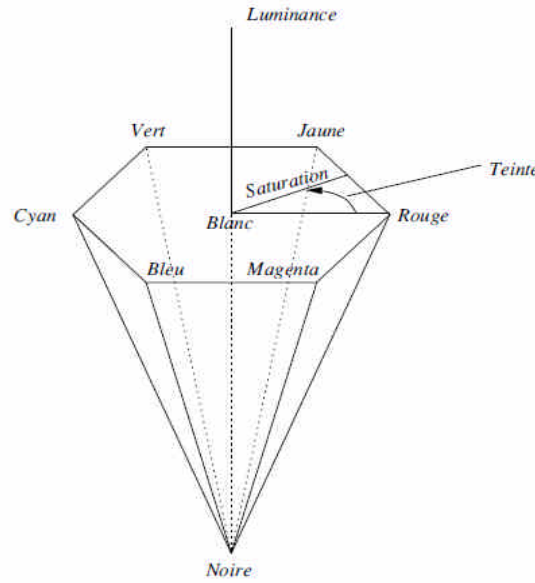


Figure II.1 - La pyramide de couleurs dans l'espace HSV[30].

III. L'espace HSV.

A partir de l'espace RVB , on peut définir l'espace HSV (hue, saturation, value) de la manière suivante [122] :

$$C = \begin{pmatrix} H \\ S \\ V \end{pmatrix} \quad (\text{III.1})$$

Avec :

$$V(C) = \max(R, V, B)$$

$$S(C) = \frac{\max(R, V, B) - \min(R, V, B)}{\max(R, V, B)} \quad S = 0 \text{ pour } C = 0$$

$$H'(C) = \begin{cases} \text{non défini} & \text{si } S = 0 \\ \frac{V - B}{\max(R, V, B) - \min(R, V, B)} & \text{si } R = \max(R, V, B) \\ \frac{B - R}{\max(R, V, B) - \min(R, V, B)} + 2 & \text{si } V = \max(R, V, B) \\ \frac{R - V}{\max(R, V, B) - \min(R, V, B)} + 4 & \text{si } B = \max(R, V, B) \end{cases} \quad (\text{III.2})$$

On obtient H en degrés en multipliant H' avec 60° : $H = 60^\circ \times H'$.

On a vu dans les paragraphes précédent que sur l'axe achromatique, qui est la diagonale du cube de couleur dans l'espace RVB , il n'y que des couleurs achromatique, i.e. des teins de gris. On assigne alors à tous les points sur cet axe une luminosité V . Le pont critique est maintenant le choix de points dans le cube RVB auxquels on assigne également cette

luminosité. Avec la définition dans l'équation(III.2), les plans d'isoclarité sont les trois plans d'un subcube du cube RVB , qui ne touchent pas le point $\mathbf{0}$. Pour pouvoir visualiser le nouvel espace couleur, on projette ces plans sur un plan perpendiculaire à l'axe achromatique. On trouve un hexagone¹. Si on parcourt maintenant l'axe achromatique et si on empile les hexagones correspondant à toutes les valeurs de luminance, on obtient une pyramide de base hexagonale (voir Figure II.1).

La saturation est une mesure de distance entre la couleur donnée et l'axe achromatique, la teinte est définie comme angle (l'expression dans les équations (III.2) est une approximation)²: la teinte, la saturation et la luminance constituent un système de coordonnées cylindriques.

IV. L'espace HLS.

L'espace HLS est défini à partir de l'espace RVB de la manière suivante :

$$\begin{aligned}
 L(C) &= \frac{\max(R, V, B) + \min(R, V, B)}{2} \\
 S(C) &= \begin{cases} 0 & \text{si } \max(R, V, B) = \min(R, V, B) \\ \frac{\max(R, V, B) - \min(R, V, B)}{\max(R, V, B) + \min(R, V, B)} & \text{si } \max(R, V, B) \neq \min(R, V, B) \\ \frac{\max(R, V, B) - \min(R, V, B)}{2 - \max(R, V, B) - \min(R, V, B)} & \text{si } \max(R, V, B) = \min(R, V, B) \end{cases} \\
 H'(C) &= \begin{cases} \frac{V - B}{\max(R, V, B) - \min(R, V, B)} & \text{si } R = \max(R, V, B) \\ \frac{B - R}{\max(R, V, B) - \min(R, V, B)} + 2 & \text{si } V = \max(R, V, B) \\ \frac{R - V}{\max(R, V, B) - \min(R, V, B)} + 4 & \text{si } B = \max(R, V, B) \end{cases} \\
 H &= H' \times 60^\circ
 \end{aligned} \tag{IV.1}$$

Le solide de cet espace qui découle de l'équation (IV.1) est montré dans la Figure V.1.

En travaillant sur les trois canaux teinte, luminance et saturation on rencontre deux problèmes majeurs :

¹ Il ne s'agit pas de l'intersection du plan perpendiculaire avec le cube RVB , qui, elle, ne serait pas un hexagone ; il s'agit de la projection des plans d'iso-clarté sur le plan perpendiculaire à l'axe achromatique.

² En effet, la raison principale pour laquelle on fait cette approximation, est le temps de calcul. Les définitions dans l'équation (III.2) datent des années 70. Aujourd'hui, les ordinateurs sont suffisamment puissants pour que cette simplification du calcul ne joue plus vraiment un rôle : on va travailler sur la teinte exacte (voir paragraphe II.V), comme il a été proposé dans [123]

- La teinte est une mesure angulaire donc le traitement de ce canal doit prendre en compte le caractère angulaire. Le travail d'ALLAN HANBURY montre des possibilités de traitement morphologique de données angulaires, notamment de la teinte [125], [123], [124].
- Les pyramides de base hexagonale ne sont pas adaptés à un traitement numérique, car soit l'intervalle sur lequel la saturation est définie dépend de la luminance soit l'expression pour la saturation dépend de la luminance (comme dans les expansions cylindriques des pyramides qui donnent parfois des résultats surprenant (voir [125])

V. TYS – Un espace amélioré.

Ici, on présente un espace amélioré par rapport aux espaces *HLS* et *HSV*. Il a été introduit par ALLAN HANBURY dans [123], et on se limite dans ce paragraphe à donner les définitions, sans approfondir le sujet.

a. La définition de l'espace couleur TYS .

Partant des inconvénients mentionnés dans le paragraphe précédent, on définit tout d'abord la teinte exacte qui est l'angle entre le rouge et la couleur donnée, et qui est calculée en projetant le vecteur de la couleur et celui de la couleur rouge sur le plan perpendiculaire à l'axe chromatique contenant le point **0**.

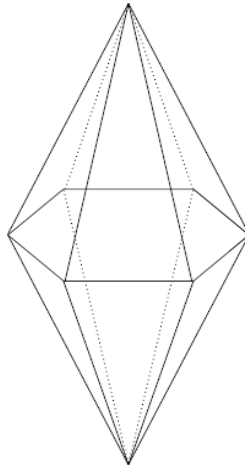


Figure V.1 La double pyramide de couleur dans l'espace HLS.

On obtient :

$$T' = \arccos \left(\frac{R - \frac{1}{2}V - \frac{1}{2}B}{\sqrt{R^2 + V^2 + B^2 - RV - RB - VB}} \right)$$

$$T = \begin{cases} 360^\circ - T' & \text{si } B > V \\ T' & \text{si } B \leq V \end{cases} \quad (\text{V.1})$$

Pour la luminance, on choisit la moyenne des trois canaux R, V, B :

$$Y = \frac{1}{3}R + \frac{1}{3}V + \frac{1}{3}B \quad (\text{V.2})$$

Les plans d'iso-clarté sont alors des plans perpendiculaires à l'axe achromatique.

Pour la saturation, on choisit la définition également proposée dans [123] qui a l'avantage d'être indépendante de la luminance et d'éviter justement les erreurs qui sont introduites par l'usage des cylindres au lieu des pyramides :

$$S = 2 \sin(120^\circ - T^*) \sqrt{\frac{1}{3}(R^2 + V^2 + B^2 - RV - RB - VB)}$$

$$T^* = T - \mathcal{K}(C) \cdot 60^\circ \quad (\text{V.3})$$

avec

$$\mathcal{K}(C) = \begin{cases} 0 & \text{si } R > V \geq B \\ 1 & \text{si } V \geq R > B \\ 2 & \text{si } V > B \geq R \\ 3 & \text{si } B \geq V > R \\ 4 & \text{si } B > R \geq V \\ 5 & \text{si } R \geq B > V \end{cases} \quad (\text{V.4})$$

b. Travailler avec la teinte.

Pour travailler avec la teinte, il faut prendre en considération le fait qu'il s'agit d'une donnée angulaire. Le problème principal dans le traitement de ces données, est la périodicité : 359° et 0° différent de 1° , et non pas de 359° . Dans [36t], l'auteur propose de prendre l'angle le plus petit entre les directions indiquées par les deux angles. La distance Δ entre deux angles α_1 et α_2 peut s'écrire alors :

$$\Delta(\alpha_1, \alpha_2) = \begin{cases} |\alpha_1 - \alpha_2| & \text{si } |\alpha_1 - \alpha_2| \leq \pi \\ 2\pi - |\alpha_1 - \alpha_2| & \text{si } |\alpha_1 - \alpha_2| > \pi \end{cases} \quad (\text{V.5})$$

Un problème survient quand on calcule des moyennes de teintes. En effet, il ne s'agit pas de la moyenne des valeurs angulaires, ce qui est encore une conséquence de la périodicité des données angulaires : la moyenne entre 0° et 350° n'est pas 175° , mais 355° . Ce problème a été traité dans [126]. La moyenne des données circulaires est la direction moyenne qui résulte d'une superposition des vecteurs de longueur 1 ayant les directions données. Par la géométrie du problème on obtient les relations suivantes. Soient $\alpha_0, \alpha_1 \dots \alpha_n$ des angles à partir desquels on veut calculer la moyenne, et soit :

$$A = \sum_{i=0}^n \cos \alpha_i \quad B = \sum_{i=0}^n \sin \alpha_i \quad (\text{V.6})$$

L'angle moyen μ_α peut s'écrire de la manière suivante :

$$\mu_\alpha = \begin{cases} \arctan \frac{B}{A} & \text{si } B > 0, \quad A > 0 \\ \arctan \frac{B}{A} & \text{si } A < 0 \\ \arctan \frac{B}{A} & \text{si } B < 0, \quad A > 0 \\ \frac{\pi}{2} & \text{si } A = 0, \quad B > 0 \\ \frac{3\pi}{2} & \text{si } A = 0, \quad B < 0 \end{cases} \quad (\text{V.7})$$

On utilisera cette définition de la moyenne dans cette thèse.

VI. L'espace *Lab*.

Une limitation des espaces présentés auparavant est le manque d'une métrique pertinente, car la sensibilité d'un observateur humain par rapport aux différences de couleur dépend non seulement de la différence elle-même, mais aussi des couleurs (de la position du stimulus dans l'espace).

Pour faire le lien entre les différences couleur et les différences dans leur perception, on a défini la variation minimale différentiable (*Just noticeable difference, JND*) pour un observateur humain. Elle sert comme unité de base pour des espaces uniformes *Lab* et *Luv*.

Le grand avantage de cet espace couleur est alors le calcul des distances de couleur : en effet, l'espace est construit de manière à ce que la distance euclidienne corresponde à la distance dans la perception. Par conséquent, la distance de deux couleurs c_1 et c_2 s'écrit de la manière suivante :

$$d(c_1, c_2) = \sqrt{(L_1 - L_2)^2 + (a_1 - a_2)^2 + (b_1 - b_2)^2} \quad (\text{VI.1})$$

Bibliographie

- [1] . Anil. K. Jain, P. Flynn, A. Ross, « *Handbook Of Biometrics* », Springer, 2007.
- [2] . Peter Gregory And Michael A. Simon, « *Biometrics For Dummies* », Cisa, Cissp, 2008.
- [3] . H.Jlassi, K.Hamrouni, « *Caractérisation De La Rétine En Vue De L'élaboration D'une Méthode Biométrique D'identification De Personnes* », Ecole Nationale D'ingénieurs De Tunis (Enit), Setit 2005.
- [4] . Anil K. Jain, Stan Z. Li, « *Encyclopedia Of Biometrics* », Springer 2009.
- [5] . S. Nanavati, M. Thieme And R. Nanavati, « *Biometrics Identity Verification In A Networked World*», John Wiley & Sons, Inc., 2002.
- [6] . Anil. K. Jain, R. Bolle, And S. Pankanti, « *Biometrics: Personal Identification In Networked Society* », Kluwer Academic Publishers, 1999.
- [7] . Julian Ashbourn , « *Guide To Biometrics For Large-Scale Systems* », Springer 2011.
- [8] . Max Chassé, Analyste En Informatique De La Commission D'accès A L'information, «*La Biométrie Au Québec : Les Enjeux*» P4-19 , Québec, 2002.
- [9] . R. Hill. Retina Identification. In A. Jain, R. Bolle, And S. Pankanti, Editors, « *Biometrics: Personal Identification In Networked Society* », Pages 123-142. Kluwer Academic Press, Boston, 1999.
- [10] . Simon C, Goldstein I, «*A New Scientific Method Of Identification*». Ny State J Med 35(18):901–906, 1935.
- [11] . Tower P., «*The Fundus Oculi In Monozygotic Twins: Report Of Six Pairs Of Identical Twins*». Arch Ophthalmol 54:225–239, 1955.
- [12] . Clermont A, Aiello Lp, Mori F, Aiello Lm, Bursell S. « *Vascular Endothelial Growth Factor And Severity Of Nonproliferative Diabetic Retinopathy Mediate Retinal Hemodynamics In Vivo: A Potential Role For Vascular Endothelial Growth Factor In The Progression Of Nonproliferative Diabetic Retinopathy*». Am J Ophthalmol 124(4):433–446, 1997.
- [13] . Aiello L, Gardner T, King G, Blankenship G, Cavallerano J, Ferris F, Klein R. « *Diabetic Retinopathy* ». Diabetes Care 1(21):143–156, 1998.
- [14] . Inder T, Clemett R, An Et Al. « *High Iron Status In Very Low Birth Weight Infants Is Associated With An Increased Risk Of Retinopathy Of Prematurity* ». J Pediatr 4(131):541–544, 1997.

- [15] . Buzz Hill R. « *Retina Identification, Biometrics: Personal Identification In Networked Society* », Ch. 6. Kluwer, Dordrecht, Pp 120–141, 1999.
- [16] . Marcos Ortega Hortas, «*Automatic System For Personal Authentication Using The Retinal Vessel Tree As Biometric Pattern*», Phd Thesis, Universidade Da Coruña, Spain. June 2009.
- [17] . S M Raiyan Kabir, Rezwanur Rahman, Mursalin Habib And M Rezwan Khan, « *Person Identification By Retina Pattern Matching* », ICECE, Pages 522-525, December 2004.
- [18] . T. Petsatodis, A. Diamantis, G.P. Syrcos. « *A Complete Algorithm For Automatic Human Recognition Based On Retina Vascular Network Characteristics*», 1st International Scientific Conference E Ra, Tripolis, Greece, Pp. 41-46, 2004.
- [19] . C. Mariño, M. G. Penedo, M. Penas, M. J. Carreira, F. González, «*Personal Authentication Using Digital Retinal Images*», Pattern Analysis And Applications, 9, 21-33, 2006.
- [20] . M. Ortega, C. Marino, M. G. Penedo, M. Blanco, F. González, «*Biometric Authentication Using Digital Retinal Images*», International Conference On Applied Computer Science, Pp. 422-427, China, April 2006.
- [21] . Vitoantonio Bevilacqua, Lucia Cariello, Donatello Columbo, Domenico Daleno, Massimiliano Dellisanti Fabiano, Marco Giannini, Giuseppe Mastronardi, Marcello Castellano, « *Retinal Fundus Biometric Analysis For Personal Identifications* » . Iic (2) 2008: 1229-1237.
- [22] . M.D. Amiri, F.A. Tab, And W. Barkhoda, «*Retina Identification Based On The Pattern Of Blood Vessels Using Angular And Radial Partitioning*», In Proc. Acivs, 2009, Pp.732-739.
- [23] . Muhhamad Nazrul Islam, Md. Amran Siddiqui, Samiron Paul, «*An Efficient Retina Pattern Recognition Algorithm (Rpra) Towards Human Identification*», 2nd International Conference On Computer, Control And Communication, Ic4 2009, Pp. 1–6, 2009.
- [24] . Latha, L. Pabitha, M. Thangasamy, S., «*A Novel Method For Person Authentication Using Retinal Images*», Innovative Computing Technologies (Icict), 2010 International Conference On, February 2010.
- [25] . Carelton S., «*Papers Administrative History*», M.E.Grenander Department Of Special Collections And Archives, University At Albany, State University Of New York, 1936. Christian Caba
- [26] . Tawer P., Areas Of Focus, «*Retina Scan, Information Security Office*», Duke University Health System (Www.Iso.Duke.Edu), 1956.

- [27]. Matthew F., «*Mass High Tech, Retinal Eyes Biometric Security*», Staff Writer, Vol.19, Issue 32, Aout 2001.
- [28]. Christian Cabal M, «*Les Méthodes Scientifiques D'identification Des Personnes A Partir De Données Biométriques Et Les Techniques De Mise En Œuvre*», Juin 2001.
- [29]. A. Feroui, «*Traitement Automatique D'images Du Fond D'œil : Application Au Recalage Des Images Rétiniennes*», Mémoire De Magister, Université De Tlemcen, Algérie, 2009.
- [30]. Thomas Walter. , «*Application De La Morphologie Mathématique Au Diagnostic De La Rétinopathie Diabétique A Partir D'images Couleur*», Thèse De Doctorat, Centre De Morphologie Mathématique, Ecole Des Mines De Paris, Septembre 2003.
- [31]. A. Bessaïd., «*Les Opérateurs Morphologiques*», Cours De Traitement D'image, Université De Tlemcen, 2010.
- [32]. Koichiro Akita Et Hideki Kuga. «*A Computer Method Of Understanding Ocular Fundus Images*». Pattern Recognition, 15(6): 431-443, 1982.
- [33]. Shinichi Tamura Et Okamoto. «*Zero-Crossing Interval Correction In Tracing Eye-Fundus Blood Vessels*». Pattern Recognition, 21(3): 227-233, 1988.
- [34]. D. Marr Et E. Hildreth. «*A Theory Of Edge Detection*». Proceedings Of The Royal Society Of London, 207: 187-217, 1980.
- [35]. Subhasis Chaudhuri, Shankar Chatterjee, Norman Katz, Mark Nelson Et Michael Goldbaum. «*Detection Of Blood Vessels In Retinal Images Using Two-Dimensional Matched Filters*», IEEE Transaction On Medical Imaging, 8(3): 263-269, Septembre 1989.
- [36]. Michale Goldbaum, Saïed Moezzi, Adam Taylor, Shankar Chatterjee, Jeff Boyd, Edward Hunter Et Ramesh Jain. «*Automated Diagnosis And Image Understanding With Object Extraction, Object Classification, And Inferencing In Retinal Images*». Dans IEEE International Conference On Image Processing, Proceedings 3, Pages 695-698, 1996.
- [37]. Adam Hoover, Valentina Kouznetsova Et Michael Goldbaum, «*Locating Blood Vessel In Retinal Images By Piece-Wise Threshold Probing Of A Matched Filter Response*». Dans American Medical Informatic Association Annual Symposium, Novembre 1998.
- [38]. Liang Zhou, Mark S.Rzeszotarski, Lawrence J.Siegerman Et Jeanne M.Chokreff. «*The Detection And Quantification Of Retinopathy Using Digital Angiograms*». IEEE Transaction On Medical Imaging, 13(4): 619-626, Décembre 1994.
- [39]. K.-H. Englmeier, S. Bichler, K. Schmid, M. Maurino, M. Porta, T. Bek, B. Ege, O.V. Larsen Et O.K. Hejlesen. «*Multi-Resolution Retinal Vessel Tracker Based On Directional Smoothing*». Dans Proceedings : 2nd Workshop On Computer Assisted Fundus Image Analysis (Cafia), Page 14, Octobre 2001.

- [40] . John Canny. « *A Computational Approach To Edge Detection* ». IEEE Transactions On Pattern Analysis And Machine Intelligence, 8(6): 679-697, Novembre 1986.
- [41] . Axel Pinz, Manfred Prantl Et Peter Datlinger. « *Mapping The Human Retina* ». IEEE Transactions On Medical Imaging, 1(1): 210-215, Janvier, 1998.
- [42] . L. Gagnon, M. Lalonde, M. Beaulieu Et M.-C. Boucher. «Procedure To Detect Anatomical Structures On Optical Fundus Images ». Dans Proc Spie Vol 4322 Medical Imaging: Image Processing, Pages 1218-1225, 2001.
- [43] . Chanjira Sinthanayothin, James F. Boyce, Helen L. Cook Et Thomas H. Williamson. « Automated Localisation Of The Optic Disc, Fovea And Retinal Blood Vessels From Digital Colour Fundus Images ». British Journal Of Ophthalmology, 83(8): 231-238, Août 1999.
- [44] . Frédéric Zana Et Jean-Claude Klein. « Segmentation Of Vessel Like Patterns Using Mathematical Morphology And Curvature Evaluation». IEEE Transaction On Image Processing, 10 (7): 1010-1019, 2001.
- [45] . Thomas Walter. « Détection De Pathologies Rétiniennes A Partir D'images Couleur Du Fond D'œil, N-38/00/Mm ». Rapport Technique, Ecole Des Mines De Paris, Octobre 2000.
- [46] . Thomas Walter Et Jean-Claude Klein. « *Segmentation Of Color Fundus Images Of The Human Retina: Detection Of The Optic Disc And The Vascular Tree Using Morphological Techniques* ». Dans J. Crespo, V. Maojo, F. Martin: Lecture Notes In Computer Science (LnCS), Volume 2199, Pages 282-287. Springer-Verlag Berlin Heidelberg, Octobre 2001. Proceedings : Second International Symposium On Medical Data Analysis (Ismda).
- [47] . M. Elena Martinez-Pérez, Alun D. Hughes, Alice V. Stanton, Simon A. Thom, Anil A. Bharath, Kim H. Parker. «*Retinal Blood Vessel Segmentation By Means Of Scale-Space Analysis And Region* ».Miccai'99, LnCS 1679, Pp. 90–97, Springer-Verlag Berlin Heidelberg 1999.
- [48] . J. E. Dowling. « *The Retina* ». Belknap Press Cambridge, Ma London, 1987.
- [49] . Joes Staal, Michael D. Abràmoff, Meindert Niemeijer, Max A. Viergever, Bram Van Ginneken. «*Ridge-Based Vessel Segmentation In Color Images Of The Retina*». IEEE Transactions On Medical Imaging, Vol. 23, No. 4, Avril 2004.
- [50] . João V. B. Soares, Jorge J. G. Leandro, Roberto M. Cesar Jr., Herbert F. Jelinek, Michael J. Cree. «*Retinal Vessel Segmentation Using The 2-D Gabor Wavelet And Supervised Classification*». IEEE Transactions On Medical Imaging, Vol. 25, No. 9, Septembre 2006.
- [51] . M. Elena Martinez-Pkrez; Alun D. Hughes, Alice V. Stanton, Simon A. Thorn, Ani A. Bharath Kim H. Parker.»*Segmentation Of Retinal Blood Vessels Based On The Second Directional Derivative And Region Growing*», Paddington, London, W2 Lny, Uk, 1999, IEEE.

- [52]. Ana Maria Mendonça, Aurélio Campilho. «*Segmentation Of Retinal Blood Vessels By Combining The Detection Of Centerlines And Morphological Reconstruction*». IEEE Transactions On Medical Imaging, Vol. 25, No. 9, September 2006.
- [53]. M.E. Martinez-Perez Et Al. «*Segmentation Of Blood Vessels From Red-Free And Fluorescein Retinal Images*». Medical Image Analysis 11 (2007) 47–61, Elsevier, Janvier 2007.
- [54]. Alauddin Bhuiyan, Baikunth Nath, Joselito Chua, Ramamohanarao Kotagiri. «*Blood Vessel Segmentation From Color Retinal Images Using Unsupervised Texture Classification*». Computer Science And Software Engineering, The University Of Melbourne, Australia, IEEE 2007.
- [55]. Nancy M. Salem, Sameh A. Salem, Asoke K. Nandi, «*Segmentation Of Retinal Blood Vessels Based On Analysis Of The Hessian Matrix And Clustering Algorithm*». 15th European Signal Processing Conference (Eusipco 2007), Poznan, Poland, Septembre 2007.
- [56]. Sameh A. Salem Æ Nancy M. Salem Æ Asoke K. Nandi, «*Segmentation Of Retinal Blood Vessels Using A Novel Clustering Algorithm (Racal) With A Partial Supervision Strategy*». International Federation For Medical And Biological Engineering, Février 2007.
- [57]. Hadi Farzin, Hamid Abrishami-Moghaddam, Mohammad-Shahrammoin. «*A Novel Retinal Identification System* ». Eurasip Journal On Advances In Signal Processing, Volume 2008, Article Id 280635, 10 Pages Doi:10.1155/2008/280635.
- [58]. Silvia Valero, Jocelyn Chanussot, Jon Atli Benediktsson, Hugues Talbot. «*Détection Automatique Du Réseau Vasculaire Rétinien Basée Sur La Morphologie Directionnelle Et La Fusion De Décision* ». Grenoble Institute Of Technology, Grenoble, France, Grets 2009.
- [59]. Subhasis Chaudhuri, Shankar Chatterjee, Norman Katz. Mark Nelson, Michael Goldbaum. «*Detection Of Blood Vessels In Retinal Images Using Two-Dimensional Filters*». IEEE Transactions On Medical Imaging, Vol. 8, No. 3, Septembre 1989.
- [60]. Donghyeop Han, Heeyoul Choi, Choonseog Park, Yoonsuck Choe. «*Fast And Accurate Retinal Vasculature Tracing And Kernel-Isomap-Based Feature Selection*». Proceedings Of International Joint Conference On Neural Networks, Atlanta, Georgia, Usa, Juin 2009.
- [61]. F. Villalobos And E. Riveron. «*Fast Automatic Retinal Vessel Segmentation And Vascular Landmarks Extraction Method For Biometric Applications*». International Conference On Biometrics, Identity And Security (Bids), 2009, Pp 1-10, 22-23 Sept. 2009
- [62]. A. Arakala, J.S. Culpepper, J. Jeffers, A. Turpin, S. Boztas, K.J. Horadam, A.M. Mckendrick. «*Entropy Of The Retina Template*». Pages 1250–1259 Springer-Verlag Berlin Heidelberg 2009.

- [63] . Luc Vincent. « *Morphological Area Openings And Closings For Grayscale Images* ». Pages 197-208, Springer-Verlag, Septembre 1992.
- [64] . Cornne Vachier., « *Extraction De Caractéristique, Segmentation D'image Et Morphologie Mathématique* », Thèse De Doctorat. Centre De Morphologie Mathématique, Ecole Des Mines De Paris, 1995.
- [65] . A. Bessaïd., « *Les Opérateurs Morphologiques* », Cours De Traitement D'image. Université De Tlemcen, 2010.
- [66] . H. Hadwiger. « *Vorlesungen Über Inhalt, Oberfläche Und Isoperimetrie* ». Springer, 1957.
- [67] . H. Hadwiger. « *Normale Körper Im Euklidischen Raum Und Ihre Topologischen Und Metrischen Eigenschaften* ». Math. Zeitschr., 71:124–149, 1959.
- [68] . H. Minkowsky. « *Allgemeine Lehrsätze Über Konvexe Polyeder* ». Nachr. Ges. Wiss. Gottingen, Pages 198–219, 1897.
- [69] . H. Minkowsky. « *Über Die Begriffe Länge, Oberfläche Und Volume* ». Jahresbericht Der Deutschen Mathematiker Vereinigung, 9:115–121, 1901.
- [70] . J. Serra. « *Image Analysis And Mathematical Morphology* ». Academic Press, 1982.
- [71] . J. Serra. « *Image Analysis And Mathematical Morphology. Theoretical Advances* ». Academic Press, 1988.
- [72] . P. Maragos, R. Schafer.» *Morphological Filters - Part I: Their Set-Theoretic Analysis And Relations To Linear-Shift-Invariant Filters* ». IEEE Trans. Acoust. Speech Signal Processing, 35:1153–1169, Août 1987.
- [73] . P. Maragos, R. Schafer. « *Morphological Filters - Part II: Their Relations To Median, Orderstatistic, And Stack Filters* ». IEEE Trans. Acoust. Speech Signal Processing, 35:1170–1184, Août 1987.
- [74] . M. Coster, J.-L. Chermant. « *Précis D'analyse D'images* ». Editions Cnrs, 1985.
- [75] . Calabi L., Hartnett W.E., « *Shape Recognition From Fire, Convex Deficiencies And Skeletons* ». American Mathematical Monthly, 75, 4, Avril 1968.
- [76] . Blum H., « *A Transformation For Extracting New Descriptors Of Shape* ». Symposium On Models For The Perception Of Speech And Visual Form, Mit Press.
- [77] . Serge Beucher. « *Segmentation D'images Et Morphologie Mathématique* ». Thèse, Centre De Morphologie Mathématique, Ecole Des Mines De Paris, Juin 1991.
- [78] . Serge Beucher Et Fernand Meyer. « *The Morphological Approach To Image Segmentation: The Watershed Transformation* ». E. R. Dougherty Mathematical Morphology In Image Processing, Pages 433-481, 1993.

- [79]. Fernand Meyer « *Un Algorithme Optimal De Ligne De Partage Des Eaux* ». 8^{ème} Congrès De Reconnaissance Des Formes Et Intelligence Artificielle, Pages 847-857, Novembre 1991.
- [80]. Collins S.H., « *Terrain Parameters Directly From A Digital Terrain Model* », The Canadian Surveyor, 29, N°5, 507-518, 1975.
- [81]. Puecker T.H., Douglas D.H., « *Detection Of Surface-Specific Pointed By Local Parallel Processing Of Discrete Terrain Elevation Data* », Computer Graphics And Image Processing, 4, 375-387, 1975.
- [82]. L. Vincent. « *Algorithmes Morphologiques A Base De Files D'attente Et De Lacets. Extension Aux Graphes* », Thèse De Doctorat, Ecole Des Mines De Paris, Mai 1990.
- [83]. A John Wiley, Sons., « *2d And 3d Image Registration For Medical, Remote Sensing, And Industrial Application* », 2005.
- [84]. Alauddin Bhuiyan, Baikunth Nath, Joselito Chua, Kotagiri Ramamohanarao, « *Automatic Detection Of Vascular Bifurcations And Crossovers From Color Retinal Fundus Images* ». Third International IEEE Conference On Signal-Image Technologies And Internet-Based System, 2008.
- [85]. J. Illingworth Et J. Kittler. « *A Survey Of The Hough Transform* ». Computer Vision, Graphics And Image Processing. 44:87-116, 1988.
- [86]. François Mendels, Conor Heneghan Et Jean-Philippe Thiran. « *Identification Of The Optic Disk Boundary In Retinal Images Using Active Contours* ». Proceedings Of The Irish, Machine Vision And Image Processing Conference (Imvip'99), Pages 103-115, Septembre 1999.
- [87]. Alireza Osareh, Majid Mirmehdi, Barry Thomas Et Richard Markham. « *Colour Morphology And Snakes For Optic Disk Localization* ». Dans R Zwiggelaar A Houston, Éditeur, The 6th Medical Image Understanding And Analysis Conferencen Pages 21-24. Bmva Press, Juillet 2002.
- [88]. Thomas Walter Et Jean-Claude Klein, Pascale Massin Et Ali Erginay. « *A Contribution Of Image Processing To The Diagnosis Of Diabetic Retinopathy – Detection Of Exudates In Color Fundus Images Of The Human Retina* ». IEEE Transaction On Madical Imaging, 21(10) :1236-1244, Octobre 2002.
- [89]. M.V. Ibanez Et A. Simó. « *Bayesian Detection Of The Fovea In Eye Fundus Angiographies* ». Pattern Recognition Letters, 20: 229-240, 1999.
- [90]. Frédéric Zana. « *Une Approche Morphologique Pour Les Détections Et Bayésienne Pour Le Recalage D'images Multimodales : Application Aux Images Rétiniennes* ». Thèse, Centre De Morphologie Mathématique, Ecole Des Mines De Paris, Mai 1999.
- [91]. Fridtric Zana, Jean-Claude Klein. « *A Registration Algorithm Of Eye Fundus Images Using A Bayesian Hough Transform* ». Ecole Des Mines De Paris, France, IEEE 1999.

- [92]. William E. Hart, Michael H. Goldbaum. « *Registering Retinal Images Using Automatically Selected Control Point Pairs* ». University Of California, San Diego, IEEE 1994.
- [93]. Gregoire Malandain., « *Les Mesures De Similarité Pour Le Recalage Des Images Médicales* », Mémoire Pour L'obtention De L'habilitation A Diriger Des Recherches, Mars 2006.
- [94]. Brown L.G. « *A Survey Of Image Registration Techniques* ». Acm Computing Surveys, 325 - 376, Janvier 1992.
- [95]. Maintz J.B.A., Viergever M.A., « *A Survey Of Medical Image Registration* », Medical Image Analysis, 2, 1, 1-36, Mars 1998.
- [96]. Zitova B., Flusser J., « *Image Registration Methods: A Survey* », Image And Vision Computing 21, 977-1000, 2003.
- [97]. Orchard J., Greif C., Golub G.H., Bjornson B., Atkins M.S., « *Simultaneous Registration And Activation Detection For Fmri* », IEEE Transactions On Medical Imaging, 22, 11, 1427-1435, Novembers 2003.
- [98]. Sarrut D., « *Recalage Multimodal Et Plate-Forme D'imagerie Médicale A Accès Distant* », Thèse De Doctorat, Université Lumière Lyon 2, Janvier 2000.
- [99]. Meindert Niemeijer, Michael D. Abràmoff, Bram Van Ginneken, « *Publicly Available Retinal Image Data And The Use Of Competitions To Standardize Algorithm Performance Comparison* », World Congress On Medical Physics And Biomedical Engineering, Munich, Germany Ifmbe, Volume 25/11, 175-178, Septembre 2009.
- [100]. Aria : http://www.eyecharity.com/aria_online/
- [101]. The Drive Database, Image Sciences Institute, University Medical Center Utrecht, The Netherlands /<http://www.isi.uu.nl/research/databases/drive/s>, Last Accessed On 30th Avril, 2009.
- [102]. Varia : <http://www.varpa.es/varia.html>
- [103]. Biométrie Online : <http://www.biometrie-online.net/technologies/retine>
- [104]. Barillot C., « *Fusion De Données Et Imagerie 3d En Médecine* ». Habilitation A Diriger Des Recherches, Université De Rennes 1, Septembre 1999.
- [105]. F. Zana, J.C.Klein, « *A Multimodal Registration Algorithm Of Eye Fundus Images Using Vessels Detection And Hough Transform* », Thèse De Doctorat, 1999.
- [106]. A. V. Cideciyan., « *Registration Of Ocular Fundus Images* », IEEE Engineering In Medicine And Biology, 52-58, 1995.

- [107]. Pierre-Yves Bondiau. « *Mise En Oeuvre Et Evaluation D'outils De Fusion D'image En Radiothérapie* », Thèse De Doctorat, Université De Nice-Sophia Antipolis, Novembre 2004.
- [108]. W. E. Hart And M. H. Goldbaum. , « *Registering Retinal Images Using Automatically Selected Control Point Pairs* ». IEEE International Conference On Image Processing 3: 576-580, 1994.
- [109]. Olfa Ben Sassi., « *Recalage Des Données Anatomiques Issues D'un Imageur Par Résonance Magnétique* ». Mémoire De Master, L'école Nationale D'ingénieurs De Sfax, Juin 2007.
- [110]. A.J. Mansfield And J.L. Wayman. « *Best Practices In Testing And Reporting Performance Of Biometric Devices* ». Version 2.01, August 2002.
- [111]. A. Martin, G.R. Doddington, T. Kamm, M. Ordowski, And M.A. Przybocki. « *The Det Curve In Assessment Of Detection Task Performance* ». In Proceedings Of Eurospeech, Pages 1895–1898, Rhodes, Greece, 1997.
- [112]. Aurélien Mayoue. « *Biosecure Tool : Performance Evaluation Of A Biometric Verification System* ». Biosecure 1.0, Décembre 2007.
- [113]. M.A. Chikh., « *Apprentissage Artificiel* », Cours D'intelligence Artificielle, Université De Tlemcen, 2010.
- [114]. Philippe Cattin. « *Image Registration : Biomedical Image Analysis* ». Miac, University Of Basel, March 2011.
- [115]. F. Glazer, G. Raynolds And P. Annan. , « *Scene Matching By Hierarchical Correlation* », IEEE Conf. On Computer Vision And Pattern Recognition, 432-441, 1983.
- [116]. <http://www.tsi.enst.fr/tsi/enseignement/ressources/mti/paranjape/principe-demethode.htm>
- [117]. Luc Vincent. « *Morphological Area Openings And Closings, Their Efficient Implementation And Applications*». Jean Serra, P. Salembier : Mathematical Morphology And Its Applications To Signal Processing, Pages 22-27, Mai 1993.
- [118]. Edmond J. Breen Et Ronald Jones. « *An Attribute Based Approach To Mathematical Morphology* ». Computer Vision And Image Understanding, Pages 41-48, 1996.
- [119]. Edmond J. Breen Et Ronald Jones « *Attribute Openings, Thinnings And Granulometries* ». P. Maragos, R. Schafer, M. Butt : Mathematical Morphology And Its Applications To Image And Signal Processing, 64(3) :337-389, Novembre 1996.
- [120]. Pierre Soile, « *Morphological Image Analysis : Principles And Applications* ». Springer-Verlag Berlin, Heidelberg, New York, 1999.

- [121] . William K. Pratt. « *Digital Image Processing* », Volume 1. John Wiley & Sons, Inc., 1978.
- [122] . Valery Risson. « *Application De La Morphologie Mathématique A L'application De La Morphologie Mathématique A L'analyse Des Conditions D'éclairage Des Images Couleur* ». Thèse, Centre De Morphologie Mathématique, Ecole Des Mines De Paris, Décembre 2001.
- [123] . Allan Hanbury Et Jean Serra. « *Morphologie Mathématique Sur Le Cercle Unité* ».Thèse, Centre De Morphologie Mathématique, Ecole Des Mines De Paris, Février 2002.
- [124] . Allan Hanbury Et Jean Serra. « *Morphological Operators On The Unit Circle* ». IEEE Transaction On Image Processing, 10(12) :1842-1850, Décembre 2001.
- [125] . Allan Hanbury Et Jean Serra. « *A 3d-Polar Coordinate Colour Representation Suitable For Image Analysis* ». Rapport Technique Prip-Tr-77, Pattern Recognition And Image Processing Group, Institute Of Computed Aided Automation, Vienna University Of Technology, Favoritenstr. 9/1932, A-1040 Vienna, Austria, Décembre 2002.
- [126] . N. I. Fisher. « *Statistical Analysis Of Circular Data* », Volume 1. Cambridge University Press, 1993.
- [127] . Claire-Hélène Demarty. « *Segmentation Et Structuration D'un Document Vidéo Pour La Caractérisation Et L'indexation De Son Contenu Sémantique* ». Thèse, Centre De Morphologie Mathématique, Ecole Des Mines De Paris, Janvier 2000.